

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA “JULIO DE MESQUITA FILHO”
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS
CÂMPUS DE JABOTICABAL**

**CARACTERÍSTICAS DE CARÇAÇA DE BOVINOS DA RAÇA
CANCHIM – ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS E
ASSOCIAÇÃO COM MARCADORES MOLECULARES**

Sarah Laguna Meirelles

Orientador: Dr. Maurício Mello de Alencar

Co-orientadora: Dra. Luciana Correia de Almeida Regitano

Tese apresentada à Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – Unesp, Câmpus de Jaboticabal, como parte das exigências para a obtenção do título de Doutor em Zootecnia.

JABOTICABAL – SÃO PAULO – BRASIL

Dezembro de 2007

DADOS CURRICULARES DO AUTOR

SARAH LAGUNA MEIRELLES - nascida no dia 05 de julho de 1978, em Ribeirão Preto – São Paulo, filha de Guilherme Ribeiro Meirelles e Cíntia Marina Laguna Meirelles. Em março de 1997 ingressou na Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – Unesp, Câmpus de Jaboticabal, recebendo o título de Zootecnista em janeiro de 2002. Iniciou o curso de Pós-graduação em março de 2002, obtendo o grau de Mestre em Genética e Melhoramento Genético Animal pela Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – Câmpus de Jaboticabal – Unesp, em 19/02/2004. Em março de 2004 ingressou no doutorado, também pela Unesp – Câmpus de Jaboticabal, desenvolvendo sua tese na Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, concluindo a obtenção do título de doutor em Zootecnia em 14 de dezembro de 2007.

Dedico

**À minha família querida!
Amo todos vocês.**

AGRADECIMENTOS

A Deus e a Nossa Senhora Aparecida por proporcionar momentos maravilhosos como este.

Ao meu querido orientador, Maurício Mello de Alencar, que além de passar seus conhecimentos, me tratou como uma filha, amiga, me incentivando nesses quatro anos de trabalho e alegria.

À minha querida co-orientadora, Luciana Correia de Almeida Regitano, que me apoiou e me ensinou em todos os momentos, dando conselhos de amiga e mãe além de tudo.

À Coordenação de Aperfeiçoamento do Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão da bolsa de estudos no período de março de 2004 a junho de 2007 e à Embrapa Pecuária Sudeste no período de agosto de 2007 a dezembro de 2007.

Aos proprietários das Fazendas Água Marinha, Calabilu, Paraíso, Santo Antônio, Santa Helena e Vista Bonita e a Embrapa, pela permissão do uso dos dados zootécnicos e disponibilidade dos animais para que fossem coletadas as medidas ultra-sonográficas.

Ao Dr. Henrique Nunes de Oliveira, à MS. Gabriela Zoccolaro Costa e à Dra. Liliane Sugisawa pelo auxílio nas coletas das medidas ultra-sonográficas.

À minha mãe querida, que se não fosse seu apoio, tudo seria mais difícil e ao meu paizão, que mesmo estando distante (sempre trabalhando muito na fazenda) esteve sempre preocupado com meu andamento nesta fase.

Aos meus irmãos, Lili, Dani e Nani, que tanto amo e à minha linda sobrinha, Marina. Agradeço o carinho e compreensão.

Ao Caio e sua família, por sempre me apoiarem. Vocês são especiais!!!

Aos amigos do Laboratório de Biotecnologia Animal da Embrapa Pecuária Sudeste: Adelita, Adriana, Gilbertinho, Gisele, Gustavo, João, Juliana e Marcelo, que me ajudaram muito no aprendizado inicial e na fase final de laboratório.

Às minhas amigas Roselaine, Fernanda Bovino, Priscilla, Fabiana, Sardinha, Lícia, por terem compartilhado carinho e alegria em nossa casa.

Às minhas amiguinhas do coração: Gi, Drica e Andréa Bueno! Vocês são especiais!!!

Às minhas grandes amigas: Gabi, Dri e Sam. Obrigada por vocês existirem em minha vida.

À Aracele, Priscilla e Janaína, grandes amigas, pelas hospedagens em Jaboticabal durante estes anos.

Aos amigos, Fernando Baldi, Maira e Annaiza e todos do departamento de Melhoramento Genético Animal que sempre me apoiaram.

A Ana Carolina Espasandin que abriu meus caminhos para conhecer a Embrapa e as duas pessoas maravilhosas que foram meus orientadores. Obrigada mais uma vez.

Aos professores e pesquisadores, Danísio, Jeffrey, Sandra e Maria Eugênia por terem contribuído no exame geral de qualificação.

Ao Flávio Shenckel e ao Guilherme Rosa por ajudarem em algumas metodologias.

Aos funcionários de todas as fazendas e da Embrapa Pecuária Sudeste.

SUMÁRIO

	Página
CAPÍTULO 1 – CONSIDERAÇÕES GERAIS.....	1
Introdução	1
Objetivo Geral.....	3
Objetivos Específicos.....	3
Revisão de Literatura	3
REFERÊNCIAS.....	16
CAPÍTULO 2 - ESTUDO DE EFEITOS AMBIENTAIS E ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS DE CARÇAÇA EM BOVINOS DA RAÇA CANCHIM CRIADOS EM PASTAGENS	28
Introdução	30
Material e Métodos	31
Resultados e Discussão	33
Conclusões	41
REFERÊNCIAS.....	42
CAPÍTULO 3 – EFEITO DE MARCADORES MOLECULARES SOBRE CARACTERÍSTICAS DE CARÇAÇA EM BOVINOS DA RAÇA CANCHIM	48
Introdução	50
Material e Métodos	51
Resultados e Discussão	59
Conclusões	73
REFERÊNCIAS.....	73
CAPÍTULO 4 – IMPLICAÇÕES.....	78

CARACTERÍSTICAS DE CARÇA DE BOVINOS DA RAÇA CANCHIM – ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS E ASSOCIAÇÃO COM MARCADORES MOLECULARES

RESUMO – A espessura de gordura subcutânea (EGS) e a área de olho de lombo (AOL) são características importantes ligadas à eficiência de produção e à qualidade da carne bovina. Para considerá-las em um programa de avaliação genética e/ou de seleção assistida por marcadores, é necessário quantificar sua variação genética aditiva e validar marcadores moleculares associados a elas. Desta forma, o objetivo neste trabalho foi contribuir para o melhoramento genético da raça Canchim por meio do estudo das características de carcaça EGS e AOL e de peso, obtidas em média aos 18 meses de idade, com abordagens quantitativas e moleculares. Dados de 987 animais da raça Canchim (5/8 Charolês + 3/8 zebu) e MA (filhos de touros Charolês e vacas 1/2 Canchim + 1/2 zebu), machos e fêmeas criados em pastagens, nascidos entre 2003 e 2005, foram analisados pelo método dos quadrados mínimos, cujo modelo estatístico incluiu os efeitos de ano de nascimento, rebanho, sexo, grupo genético e idade à medição (covariável). Foram feitas análises uni e bicaracterísticas utilizando-se um modelo animal que incluiu, além de efeitos fixos, os efeitos aleatórios genético aditivo direto e residual, por meio do método da máxima verossimilhança restrita, para estimar as herdabilidades e as correlações genéticas entre as características. Foram realizadas análises para verificar efeitos de cinco marcadores moleculares (BMS490 e ETH10 do cromossomo 5, INRA133 e ILSTS090 do cromossomo 6 e BMS2142 do cromossomo 19) sobre as características EGS e AOL, com modelo estatístico igual ao anterior mais o efeito do genótipo para o marcador. Todos os efeitos incluídos no modelo da análise de variância influenciaram as características, com exceção de ano de nascimento para AOL e de sexo para EGS. Em geral, os machos apresentaram médias de AOL e peso maiores do que as fêmeas e os animais do grupo MA médias mais altas do que os Canchim, para todas as três características. As estimativas de herdabilidade de AOL ($0,33 \pm 0,09$), EGS ($0,24 \pm 0,09$) e peso ($0,23 \pm 0,09$) foram moderadas indicando que elas devem responder à seleção. A estimativa de correlação

genética ($0,21 \pm 0,24$) entre EGS e AOL foi baixa, sugerindo que essas características são controladas por diferentes conjuntos de genes de ação aditiva. As correlações genéticas estimadas de peso com EGS ($0,57 \pm 0,23$) e AOL ($0,62 \pm 0,16$) foram moderadas, indicando que a seleção para aumento de peso deverá também resultar em aumentos em EGS e AOL ou vice versa. Foi observado efeito do marcador BMS490 sobre AOL, indicando a possibilidade de existir pelo menos um QTL (locos para característica quantitativa) nesta região afetando o crescimento do animal.

PALAVRAS-CHAVE: área de olho de lombo, espessura de gordura subcutânea, herdabilidade, marcador molecular, peso

CARCASS TRAITS IN CANCHIM CATTLE – ESTIMATES OF GENETIC PARAMETERS AND ASSOCIATION WITH GENETIC MARKERS

SUMMARY – Carcass traits like back fat thickness (BFT) and rib eye area (REA) are important to determine production efficiency and beef quality. To consider them as selection criteria in genetic evaluation and marker assisted selection programs, it is necessary to quantify their additive genetic variation and to evaluate the existence of genetic markers associated to them. The objective in this work was to contribute to the Canchim breeding program through the study of BFT, REA and body weight (BW), using quantitative and molecular informations. Data on 987 eighteen months old Canchim (5/8 Charolais + 3/8 zebu) and MA (offspring of Charolais bulls and 1/2 Canchim + 1/2 Zebu cows) bulls and heifers, grown on pasture, born from 2003 to 2005, were analyzed by the least squares method, with a model that included the fixed effects of year of birth, herd, sex, genetic group and age (covariate). One and two-trait analyses with a model that included fixed effects and the additive direct and residual random effects, by the restricted maximum likelihood method, were undertaken to estimate heritabilities and genetic correlations among the traits. Statistical analyses to verify the effect of five genetic markers (BMS490 and ETH10 in chromosome 5, INRA133 and ILSTS090 in chromosome 6 and BMS2142 in chromosome 19) on BFT and REA were also realized with a similar model, but including the genotype of a marker as a fixed effect. All effects included in the model for the analyses of variance significantly affected all traits studied, with the exception of year of birth for REA and of sex for BFT. In general, bulls showed higher REA and BW than heifers and MA animals higher means than Canchim animals, for all traits studied. The heritability estimates of REA (0.33 ± 0.09), BFT (0.24 ± 0.09) and BW (0.23 ± 0.09) were moderate indicating that they should respond to selection. The genetic correlation between BFT and REA (0.21 ± 0.24) was low suggesting that the traits are affected by different sets of genes with additive action. The genetic correlations of BW with BFT (0.57 ± 0.23) and AOL (0.62 ± 0.16) were moderate indicating that selection to increase BW should also increase the carcass traits or vice versa. An effect

of REA on BMS490 marker was observed, indicating that at least one QTL (Quantitative Trait Loci) affecting growth of the animal could exist in this region.

KEY WORDS: backfat thickness, body weight, heritability, molecular marker, rib eye area

CAPÍTULO 1 – CONSIDERAÇÕES GERAIS

Introdução

A pecuária de corte é uma atividade desenvolvida em todas as regiões do País, com ampla variedade de raças, sistemas de produção, índices de produtividade, condições sanitárias e sistemas de comercialização.

O rebanho bovino brasileiro é o maior rebanho comercial do mundo, com cerca de 163,9 milhões de animais, contudo ainda apresenta índices produtivos baixos, com taxa de abate menor do que a obtida em outros países, tais como China, Estados Unidos e Austrália (ANUALPEC, 2006). Para manter a posição de maior exportador de carne bovina do mundo e conquistar novos mercados, inclusive de melhor remuneração, é importante que o setor produtivo seja competitivo, fornecendo produtos de qualidade a preços acessíveis, sendo necessário, portanto, melhorar, entre outros fatores, a eficiência de produção e a qualidade do produto.

Dentre as várias características envolvidas na eficiência de produção e na qualidade da carne estão aquelas relativas à carcaça. Segundo Cundiff et al. (1993), uma carcaça de qualidade deve apresentar quantidade de gordura suficiente para garantir sua preservação e características desejáveis para o consumo. Um grande problema em relação à qualidade da carne é que durante o processo do *rigor mortis*, no resfriamento da carcaça, quando a temperatura cai rapidamente, em consequência da falta de isolamento térmico pela ausência de gordura subcutânea, as fibras musculares se contraem violentamente até o esgotamento das reservas de ATP (glicólise muscular), acontecendo o processo de *cold-shortening*, que é o escurecimento, perda de água e o encurtamento das fibras, resultando no endurecimento da carne dos animais abatidos, causando prejuízos econômicos aos frigoríficos (SAINZ, 1996).

Uma característica indicadora da composição da carcaça é a área de olho de lombo (BOGGS & MEYER, 1990; LUCHIARI FILHO, 2000). Esta medida tem sido relacionada à musculosidade do animal e como indicador de rendimentos dos cortes de

alto valor comercial. Luchiari Filho (2000) relata também que esta característica tem correlação positiva com a porção comestível da carcaça.

Essas duas características, espessura de gordura subcutânea (EGS) e área de olho de lombo (AOL), podem ser melhoradas por meio de estratégias de manejo do rebanho, principalmente o manejo nutricional, e de melhoramento genético, entre elas, a seleção dentro de raças.

Os programas de avaliação genética de bovinos de corte do Brasil têm dado ênfase às características reprodutivas, de crescimento e de avaliação visual. As características de carcaça, como a EGS e a AOL, em geral, não são contempladas nesses programas, provavelmente, em razão das dificuldades de medição. Entretanto, ultimamente a ultra-sonografia tem sido utilizada na obtenção dessas medidas e deve contribuir para que sejam incluídas nos vários programas de avaliação genética.

No Brasil, a seleção em bovinos de corte vem sendo realizada com base em estimativas de diferenças esperadas nas progênies (DEP) derivadas dos fenótipos dos animais. A maioria das características quantitativas de importância para a produção animal é controlada por muitos genes, cada um deles com pequeno efeito, e é influenciada pelo ambiente. Entretanto, alguns desses genes podem ter maior importância no controle de determinada característica fenotípica. Atualmente, é possível mapear genes ou conjuntos de genes que influenciam caracteres quantitativos. Neste caso, é possível identificar o QTL (locos para característica quantitativa) pela utilização de marcadores genéticos em uma população base com delineamento experimental específico, que origine desequilíbrio de ligação. Uma vez localizado o QTL, pode-se ter informações quanto aos seus efeitos na característica em estudo, podendo estas ser utilizadas na seleção assistida por marcadores genéticos (MAS) que, em conjunto com a seleção por métodos quantitativos, poderá trazer ganhos genéticos maiores em menor espaço de tempo.

Para ajudar a garantir a qualidade da carne bovina, é interessante desenvolver programas de melhoramento genético para características de qualidade da carcaça, de maneira a promover o progresso genético do rebanho brasileiro, atendendo, dessa forma, as exigências do mercado consumidor.

Objetivo Geral

Contribuir para o melhoramento genético da raça Canchim por meio do estudo de características de carcaça, com abordagens quantitativas e moleculares.

Objetivos Específicos

1) Avaliar os efeitos ambientais sobre as características espessura de gordura subcutânea (EGS) e área de olho de lombo (AOL) na raça Canchim.

2) Avaliar a possibilidade de seleção para EGS e AOL na raça Canchim, por meio da verificação da variabilidade genética aditiva para essas características, pela obtenção de estimativas de parâmetros genéticos.

3) Verificar a possibilidade de utilização de seleção assistida por marcadores moleculares para EGS e AOL na raça Canchim, por meio da avaliação dos efeitos de marcadores moleculares sobre essas características.

Revisão de Literatura

- A Raça Canchim

No século passado, o gado zebu introduzido no Brasil foi largamente utilizado em cruzamentos absorventes nos rebanhos de gado Crioulo do País. Este gado indiano, com sua habilidade de viver nos trópicos, adaptou-se e foi se multiplicando, melhorando consideravelmente a pecuária de corte nacional. Apesar de sua boa adaptabilidade aos ambientes de produção do Brasil, ainda verificou-se que este gado era inferior às raças européias, quanto à precocidade e rendimento de carcaça (ALENCAR, 1988).

Quando o desempenho dos animais em um determinado ambiente não é satisfatório ou está abaixo do desejável, alguns procedimentos podem ser adotados,

entre eles, a formação de outra raça ou grupo de animais. Desta maneira, com o objetivo de unir às qualidades do zebu (rusticidade e adaptação aos trópicos) àquelas do gado europeu (precocidade e rendimento econômico), foi que em 1940, na Fazenda Canchim, município de São Carlos, SP, por meio de diferentes esquemas de cruzamentos alternados entre animais da raça Charolesa, que possui grande potencial para ganho de peso, e de diferentes raças zebuínas, como Indubrasil, Guzerá e Nelore, que se destacavam pela capacidade de adaptação às condições tropicais, o Médico Veterinário e Zootecnista Dr. Antonio Teixeira Vianna iniciou os cruzamentos para formação do gado Canchim (ALENCAR, 1988).

Estes programas de cruzamentos tiveram como objetivo obter, de um lado, mestiços $5/8$ Charolês + $3/8$ zebu e, de outro, animais $3/8$ Charolês + $5/8$ zebu. Entre essas composições genéticas estudadas, os animais “bimestiços” $5/8$ Charolês + $3/8$ zebu apresentaram precocidade, ótima conformação para corte, resistência ao calor e a parasitos e uniformidade de pelagem (VIANNA et al., 1978). Desta forma, esses animais foram escolhidos para compor o grupo genético Canchim, que foi reconhecido como tipo em 1972 e como raça em 1983. Atualmente, vários esquemas de cruzamentos são utilizados para a obtenção de bovinos da raça Canchim (Tabela 1).

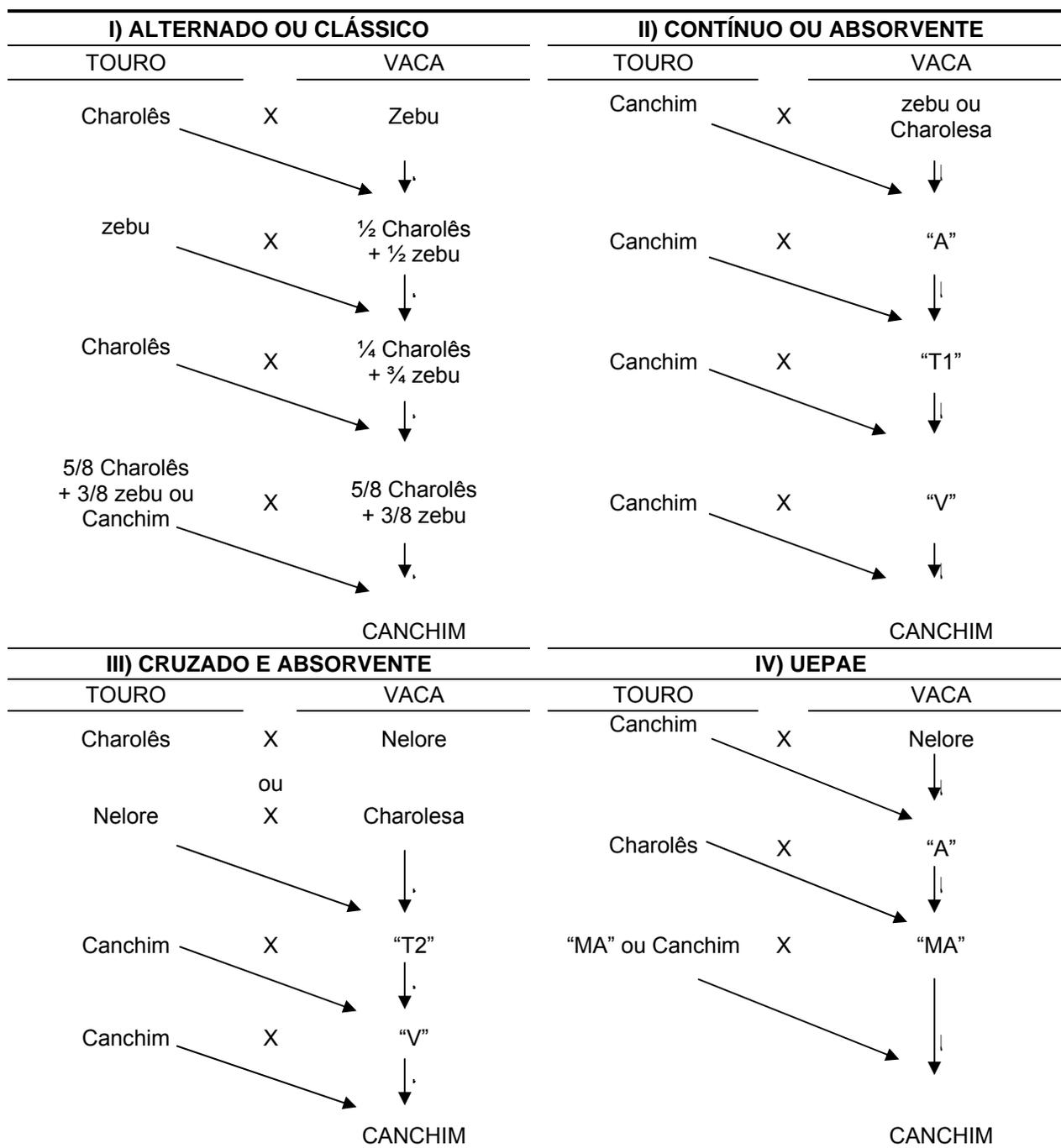
O esquema I de acasalamento (Alternado) produz animais Canchim em média com 62,5% dos genes do Charolês e 37,5% dos genes do zebu, em quatro gerações. Este método de acasalamento tem a vantagem de aumentar a diversidade genética da raça, pela utilização constante de novos animais da raça Charolesa. O esquema II (Absorvente) utiliza continuamente touros Canchim, com o objetivo de absorver a raça zebuína ou Charolesa. Produz animais Canchim, em média, com 58,59% ou 64,84% dos genes do Charolês e 41,41% ou 35,16% dos genes do zebu, em quatro gerações. Este método tem a vantagem de utilizar touros Canchim selecionados e facilitar o manejo, uma vez que se trabalha com touros de uma só raça. O esquema III (Cruzado ou Absorvente) permite utilizar touros Charolês, Canchim ou zebu. Produz animais em média com 59,37% dos genes do Charolês e 40,63% dos genes do zebu, em três gerações (ALENCAR, 1988). O esquema UEPAE produz animais Canchim com 64,06% a 65,62% de genes da raça Charolesa, dependendo da raça do touro utilizada, e

apresenta a vantagem de produzir animais Canchim em três gerações. O animal MA (filho de touro Charolês e vaca $\frac{1}{2}$ Canchim + $\frac{1}{2}$ zebu) possui 65,62% de genes do Charolês.

Com o passar dos anos, a raça Canchim foi sendo difundida pelo Brasil, ocupando espaço na pecuária nacional e, de acordo com a Associação dos Criadores de Canchim (comunicação pessoal), é criada em 17 estados da Federação e teve cerca de 2.000 animais registrados em 2006. Atualmente, é bastante utilizada em sistemas de produção de carne, principalmente pelo cruzamento de touros Canchim com vacas zebu. Segundo Barbosa (1997), considerando-se algumas pressuposições, a raça Canchim contribuiu com cerca de 1,4% na produção brasileira de carne bovina em 1996, mostrando sua importância para a pecuária nacional.

Com o objetivo de avaliar critérios de seleção para a raça Canchim, vários estudos foram realizados envolvendo características reprodutivas (ALENCAR et al., 1993; SILVA et al., 2000; GIANLORENÇO et al., 2003; MUCARI et al., 2006; BARICHELLO et al., 2007; CASTRO-PEREIRA et al., 2007a), de crescimento (MASCIOLO et al., 1996 e 1997; SILVA et al., 2000; MELLO et al., 2002 e 2006; BALDI et al., 2007a, b; CASTRO-PEREIRA et al., 2007b; TORAL et al., 2007), morfológicas (BARICHELLO et al., 2007) e produtivas (BARBOSA et al., 2002; GIANLORENÇO et al., 2003; TALHARI et al., 2003; MELLO et al., 2006; BALDI et al., 2007a). Entretanto, nenhum trabalho foi realizado com as características de carcaça área de olho de lombo e espessura de gordura subcutânea, importantes na determinação da quantidade e qualidade da carne, principalmente para a raça Canchim, formada a partir de uma raça taurina continental (Charolesa) e que é muito utilizada em cruzamento com animais zebuínos para produção de carne.

Tabela 1. Esquemas de acasalamentos para obtenção de animais da raça Canchim.



Fonte: <http://www.cppse.embrapa.br/pesquisa/origem-da-raca-canchim/origem>.

UEPAE = Unidade de Execução de Pesquisa de Âmbito Estadual.

- Ultra-sonografia

A técnica de ultra-sonografia oferece aos criadores a oportunidade de obter informações do mérito genético dos animais “in vivo”, em idade jovem de sua vida produtiva. Caracteriza-se por ser um método rápido, não invasivo e que não deixa resíduos nocivos na carne dos animais avaliados (PERKINS, 1992a). A grande vantagem desta técnica é a redução do tempo e do custo para a identificação de touros e de novilhas de reposição superiores para as características de composição corporal, ou seja, quantidade de músculo, gordura e rendimento dos cortes comerciais.

Atualmente, alguns programas de melhoramento genético passaram a contemplar a qualidade da carcaça, avaliada por ultra-sonografia, como característica de grande interesse econômico. Estudos têm demonstrado que a ultra-sonografia é uma ferramenta objetiva e acurada na seleção para musculosidade, cobertura de gordura, marmoreio e rendimento de carne à desossa (HERRING et al., 1998; WILSON et al., 1998).

Esta técnica é utilizada para avaliar a composição corporal dos reprodutores (machos e fêmeas) e de seus descendentes e também monitorar a composição corporal da população comercial, avaliando os lotes (grupos de contemporâneos), quanto à deposição de gordura para fins de determinação do momento ótimo para o abate (BARROS, 1993).

A área de olho de lombo (AOL) e a espessura de gordura subcutânea (EGS) são características medidas transversalmente no músculo *Longissimus dorsi* (contrafilé) na região entre a 12^a e 13^a costelas, e são expressas em centímetros quadrados (cm²) e milímetros (mm), respectivamente.

Vários trabalhos foram realizados com o objetivo de se obter a correlação entre medidas de carcaça feitas por ultra-sonografia antes do abate e suas respectivas medidas na carcaça. Houghton & Turlington (1992), realizando revisão sobre as correlações entre as medidas obtidas pela ultra-sonografia e realizadas na carcaça, encontraram variações para esta correlação nos bovinos de 0,20 a 0,94 para AOL e de 0,55 a 0,96 para EGS. Na Tabela 2 são mostradas várias estimativas de correlação

fenotípica entre medidas ultra-sonográficas da área de olho de lombo (AOL) e da espessura de gordura subcutânea (EGS) “in vivo” e na carcaça, obtidas para bovinos de corte, segundo alguns autores. Observam-se valores de correlação que variam de 0,48 a 0,95 para AOL e de 0,70 a 0,97 para EGS, dependendo do trabalho. Perkins (1992b) relatou que as limitações tecnológicas, a experiência do técnico, o nível de gordura e de músculo, o sexo e a idade do animal, as mudanças nas características dos tecidos pós-morte, a remoção da gordura junto com o couro e o deslocamento dos músculos em relação ao esqueleto são os principais fatores que interferem na acurácia das medidas feitas com o ultra-som e daquelas feitas diretamente na carcaça.

Tabela 2. Correlações fenotípicas entre medidas ultra-sonográficas da área de olho de lombo (AOL) e da espessura de gordura subcutânea (EGS) in vivo e na carcaça, segundo alguns autores.

Fonte	Raça	Correlação	
		AOL	EGS
Bullock et al. (1991)	Não definida	0,90	0,79
Waldner et al. (1992)	Brangus	0,73	0,86
Brethour et al. (1992)	Não definida	-	0,90 - 0,92
Hassen et al. (1998)	Cruzados	0,48	0,70
May et al. (2000)	Comercial – não definida	0,61	0,81
Tarouco et al. (2005)	Braford	0,95	0,97

- *Parâmetros genéticos de área de olho de lombo (AOL), espessura de gordura subcutânea (EGS) e peso em bovinos de corte*

Vários trabalhos foram realizados com o objetivo de se estimar herdabilidades e correlações genéticas entre AOL, EGS e peso na data da obtenção da imagem (Peso), conforme mostrado na Tabela 3. Observam-se estimativas de herdabilidade e de correlação genética que variam muito entre os trabalhos. Esta variação pode ser

conseqüência de vários fatores, entre eles, a raça estudada, a idade dos animais, o sistema de manejo, o sexo dos animais, a metodologia de análise dos dados e o modelo estatístico usado. Para animais da raça Nelore, as herdabilidades variaram de 0,20 a 0,43 para AOL e de 0,04 a 0,52 para EGS, com médias de 0,33 e 0,26, respectivamente, enquanto que para taurinos, as herdabilidades variaram de 0,12 a 0,42 (AOL) e de 0,04 a 0,53 (EGS), com médias de 0,30 e 0,30. No caso de animais de grupos compostos ou de raças sintéticas, as herdabilidades variaram de 0,21 a 0,31 para AOL e de 0,05 a 0,26 para EGS, com médias de 0,26 e 0,12, respectivamente. Essas estimativas sugerem que é possível modificar estas características pela seleção.

Tabela 3. Estimativas de parâmetros genéticos de área de olho de lombo (AOL), espessura de gordura subcutânea (EGS) e peso, segundo alguns autores.

Fonte	Raça ou grupo genético	Categoria	Idade (dias)	Herdabilidade			Correlação genética		
				AOL	EGS	Peso	EGS e AOL	EGS e Peso	AOL e Peso
Turner et al. (1990)	Hereford	T	350	0,12	0,04	-	-	-	-
Arnold et al. (1991)	Hereford	MC	369	0,25	0,26	0,32	0,39	-0,08	0,19
Hassen et al. (1998)	Composto	T e MC	-	0,21	0,05	-	-	-	-
Moser et al. (1998)	Brangus	T e N	370	0,29	0,11	0,40	-	0,11	0,49
Reverter et al. (2000)	Angus	T e N	477	0,42	0,51	-	-0,04	-	-
	Hereford		477	0,38	0,18	-	-0,29	-	-
Figueiredo et al. (2002)	Nelore	M	510	0,20	0,04	-	-	-	-
Kemp et al. (2002)	Angus	MC	391	0,29	0,39	-	0,09	0,47	0,28
Stelzleni et al. (2002)	Brangus	T e N	365	0,31	0,26	0,53	0,09	0,42	0,44
Crews et al. (2003)	Simental	T e N	369	0,37	0,53	0,47	-	-	-
Davis et al. (2003)	Angus	T e N	398	0,31	0,17	-	-	-	-
Karsburg et al. (2004)	Santa Gertrudis	M e F	555	0,23	0,05	-	-	-	-
Meyer et al. (2004)	Hereford e Polled Hereford	T	510	0,26	0,27	-	-	-	-
		N	510	0,31	0,32	-	-	-	-
Cyrillo et al. (2005)	Nelore	M e F	378	0,53	0,41	0,42	-0,19	-0,05	0,47
Yokoo et al. (2006)	Nelore	M e F	525	0,35	0,52	-	0,06	-	-
Yokoo et al. (2007)	Nelore	M e F	390	0,43	0,23	0,47	-	-	-

F = fêmea; MC = macho castrado; M = macho; N = novilha e T = touro.

As estimativas de correlação genética entre EGS e AOL e dessas características com o peso também variam muito (Tabela 3). No caso de EGS e AOL, as estimativas de correlação genética são, na maioria das vezes, muito baixas, sugerindo que os genes de ação aditiva que influenciam uma delas não influenciam a outra. Já as

correlações genéticas do peso com essas duas características de carcaça são, em alguns estudos, positivas e de magnitude média, sugerindo que a seleção para peso deve resultar em mudanças na mesma direção em EGS e AOL.

- *Marcadores genéticos*

A maioria das características de importância econômica é controlada por vários genes de pequeno efeito. O fenótipo é resultado do patrimônio genético que o animal possui mais os efeitos de meio ambiente, existindo ainda possibilidade de interação entre os efeitos de genótipo e de meio ambiente. O componente genético pode ser estudado por meio de marcadores genéticos que, preferencialmente, devem apresentar segregação mendeliana, variabilidade, codominância, estabilidade ao longo do desenvolvimento e neutralidade quanto a adaptação.

Os marcadores genéticos podem ser morfológicos e moleculares. Um marcador morfológico é um fenótipo de fácil identificação, normalmente determinado por um único alelo e herdabilidade próxima de 1,0. A grande limitação do marcador morfológico é a ocorrência em número reduzido e por existir centenas de genes de interesse que necessitam ser marcados em uma espécie, necessitar-se-iam de inúmeros marcadores intimamente ligados a estes genes.

Marcadores moleculares são fragmentos de DNA polimórficos que permitem a distinção entre indivíduos geneticamente relacionados, mediante diferenças na seqüência do DNA. Por meio de modernas técnicas da genética molecular é possível desenvolver mapas genéticos saturados e identificar marcadores moleculares para características quantitativas.

O uso de marcadores no melhoramento pode ser feito basicamente de duas maneiras. A primeira consiste na utilização de marcadores aleatórios para construção de mapas de ligação, que são utilizados na identificação de locos que afetam caracteres quantitativos, isto é, os QTLs. O sucesso dessa estratégia depende de mapas de ligação, como os mapas genéticos de bovinos apresentados por Bishop *et al.* (1994) e Kappes *et al.* (1997). Também, para um marcador ser eficiente na seleção é

necessário ele estar intimamente ligado ao alelo que se deseja selecionar, pois assim, eles tendem a ficar juntos e sempre que um indivíduo expressar o fenótipo do marcador ele deverá também ser portador do alelo de interesse (RAMALHO et al., 2004). A segunda estratégia é a abordagem de gene candidato, que consiste na detecção de polimorfismo em genes que estão diretamente relacionados com a característica de interesse (REGITANO, 2003).

Segundo Ferreira & Grattapaglia (1996), quanto maiores o efeito do QTL sobre a característica, o tamanho da população e a herdabilidade e quanto mais próximo o marcador do QTL, mais fácil será sua detecção.

Os primeiros marcadores moleculares utilizados foram os fragmentos produzidos pela digestão do DNA com enzimas de restrição. A variação do tamanho dos fragmentos obtidos de diferentes indivíduos, após a digestão com as enzimas de restrição, deu origem à técnica RFLP (*Restriction Fragment Length Polymorphism*).

Esta técnica se baseia essencialmente no corte do DNA genômico por uma ou mais enzimas de restrição, gerando vários fragmentos. Posteriormente, separam-se os diversos fragmentos por meio de eletroforese. Estes fragmentos são transferidos para uma membrana de náilon, imobilizados e desnaturados. Um segmento de DNA marcado com um isótopo radioativo é utilizado como sonda, já que o DNA tem tendência a formar fitas duplas complementares. Qualquer mutação que possa alterar uma determinada seqüência de reconhecimento para uma dada enzima de restrição, pode ser detectada por meio do RFLP (RAMALHO et al., 2004).

Uma série de marcadores moleculares foi desenvolvida a partir do desenvolvimento da técnica da reação em cadeia da polimerase (PCR), dentre eles, os STR (*Short Tandem Repeats* ou microssatélites ou SSR – *simple sequence repeats*), SNP (*Single Nucleotide Polymorphism* ou mutações de ponto), RAPD (*Random Amplified Polymorphism* ou polimorfismo de DNA arbitrariamente amplificado), etc.

A técnica molecular, PCR, foi desenvolvida por Mullis, em 1983 (MULLIS, 1990). Ela resulta na amplificação seletiva de uma região escolhida de uma molécula de DNA, catalisada por uma DNA polimerase. As seqüências das extremidades da região a ser amplificada devem ser conhecidas, pois para realizar uma PCR, dois pequenos

oligonucleotídeos (*primers*) devem hibridizar com a molécula de DNA, sendo um com a fita senso e o outro com a fita anti-senso.

Cada ciclo de PCR envolve: a **desnaturação** da molécula de DNA, quando esta mistura é aquecida a 94°C, para que as fitas recém-sintetizadas separem-se do molde; o **anelamento** dos *primers* por meio da redução da temperatura até a temperatura ideal para as formações das pontes de hidrogênio entre cada par de *primer* e a fita molde, lembrando que quanto maior o número de nucleotídeos GC, maior será esta temperatura de anelamento, pois a ligação entre uma citosina e uma guanina é unida por três pontes de hidrogênio, sendo mais estável e a ligação entre uma adenina e uma timina é dada por apenas duas pontes de hidrogênio; e a **extensão** da nova fita de DNA, em que a Taq DNA polimerase realiza a nova síntese a partir de uma fita molde. A Taq DNA polimerase é uma DNA polimerase extraída da bactéria *Thermus aquaticus*, que é termoestável, sendo capaz de catalisar a síntese de DNA entre 70°C a 80°C e de se manter estável entre 94°C e 95°C. Ao final do processo, geralmente após 25 a 30 ciclos, obtêm-se inúmeras cópias da região de interesse, delimitada pelos *primers*.

Podem ser citados como exemplos de marcadores moleculares que utilizam a PCR em suas análises, os marcadores baseados em seqüências de DNA repetitivo, como os microssatélites e o polimorfismo de nucleotídeo único (SNP).

Os organismos eucariotos e parte dos procariotos e eubactérias apresentam seqüências simples de DNA repetitivo distribuídas ao longo do genoma. Essas seqüências, denominadas microssatélites são caracterizadas por repetições em tandem de um mono, di ou trinucleotídeo, inseridas em regiões de seqüência única. Esses polimorfismos baseiam-se na variação do número dessas repetições, resultante provavelmente de erros da DNA polimerase durante a replicação. Cada segmento de repetições é geralmente menor que 100 pares de nucleotídeos (TAUTZ, 1989). Essas regiões podem ser facilmente amplificadas pela PCR, representando uma importante redução no tempo despendido para a identificação dos genótipos, além de permitir a identificação do genótipo de embriões. Após a PCR, os produtos amplificados são separados por tamanho, em eletroforese. Se um dos *primers* for marcado com fluoróforos, os produtos podem ser analisados por eletroforese capilar em um

seqüenciador automático. Estes marcadores são numerosos ao longo do genoma e constituem a classe de marcadores com o maior grau de polimorfismo, facilitando a detecção e localização de QTLs (FERREIRA & GRATTAPAGLIA, 1996).

Polimorfismos de DNA Amplificados ao Acaso (RAPD) utilizam *primers* aleatórios na PCR como um método de geração de grande número de fragmentos aleatoriamente amplificados e com diferentes pesos moleculares, porém, não possibilita a detecção de heterozigotos. Os produtos de cada reação são resultados da amplificação de distintas regiões cromossômicas flanqueadas por um par de sítios de iniciação determinado pelo oligonucleotídeo sintético utilizado. Os fragmentos amplificados são separados em eletroforese. Diferentes indivíduos produzem distintos padrões de fragmentos amplificados, ou perfis de DNA.

Variações individuais, advindas de mutações de ponto (substituições, adições ou deleções de nucleotídeos) podem ser identificadas e tal informação é utilizada na constituição de SNPs (*Single Nucleotide Polymorphisms*). Para ser considerado um SNP, o polimorfismo tem que possuir freqüência acima de 1% na população, pois uma freqüência menor pode indicar que a variação é consequência do acaso. As principais vantagens desse tipo de marcador são: a baixa taxa de mutação, a elevada abundância no genoma e a reprodutibilidade. Os SNPs apresentam baixo nível de polimorfismo, geralmente sendo dialélicos o que é considerada uma desvantagem desse tipo de marcador. Outra desvantagem é a presença de alelos raros, o que faz com que muitas populações apresentem um padrão monomórfico.

- Evidências de associação entre marcadores moleculares e características produtivas em bovinos de corte

A identificação de regiões do genoma dos bovinos associadas a características de produção e de qualidade de carne tem sido descrita na literatura. Taylor et al. (1998), trabalhando com animais das raças Brangus e Angus, encontraram QTL para gordura subcutânea e para gordura em extrato etéreo nas regiões cromossômicas situadas a, aproximadamente, 60 a 80 cM no cromossomo 19.

Casas et al. (2000), para animais Belgian Blue x MARC III e Piemontês x Angus, encontraram um QTL para espessura de gordura na região compreendida entre 40 e 80 cM do cromossomo 5, e Casas et al. (2003) encontraram um QTL significativo na região entre 53 e 75 cM do mesmo cromossomo para área de olho de lombo.

A existência de conjuntos de genes responsáveis pela variação de EGS com efeitos detectáveis foi descrita por Li et al. (2004), para animais Angus, os quais, mapeando QTLs para deposição de gordura, obtiveram 12 haplótipos significativos, com média de efeito de 0,62 desvios padrão (DP) do valor genético (VG) para espessura da gordura subcutânea, medida na região lombar, variando de 0,38 DP a 1,33 DP. Os 12 haplótipos significativos cobriram nove regiões cromossômicas, uma no cromossomo 5 (65,4 a 70,0 cM), três no 6 (8,2 a 11,8 cM, 63,6 a 68,1 cM, e 81,5 a 83,0 cM), três no 19 (4,8 a 15,9 cM, 39,4 a 46,5 cM, e 65,7 a 99,5 cM), uma no 21 (46,1 a 53,1 cM) e uma no 23 (45,1 a 50,9 cM). Entre as nove regiões cromossômicas, seis eram regiões novas de QTL e três mostraram acordo notável com regiões de QTL que foram relatadas previamente.

Na raça Canchim, vários trabalhos foram desenvolvidos com abordagem molecular. Machado et al. (2003), estudando a região próxima ao gene IGF-1 (fator de crescimento de insulina tipo I) (73,0 cM) no cromossomo 5, encontraram evidência de um QTL para peso ao nascimento a aproximadamente 82,9 cM do loco do gene IGF-1 e um QTL influenciando o valor genético para peso ao ano a 72,0 cM, próximo ao loco do marcador ILSTS066 em linhagem nova da raça Canchim. Pereira et al. (2005) observaram associação positiva entre o peso ao ano e o genótipo LV (leucina/valina) do gene do hormônio de crescimento (GH), dos pesos ao nascimento e ao ano com o gene IGF-1, e análises de substituição alélica sugeriram efeitos positivos do alelo IGF-1 225 bp (pares de bases) sobre peso ao nascimento e do alelo 229 bp sobre o peso ao ano. Regitano et al. (2004), estudando o polimorfismo PIT1-HINFL sobre o ganho de peso diário do nascimento à desmama (GMND), observaram que a substituição do alelo HinfI (+) por um alelo HinfI (-) poderia conduzir a um aumento de 25,2 g/dia na média de GMND da população estudada (linhagem nova da raça Canchim).

- *Seleção assistida por marcadores (MAS)*

A seleção assistida por marcadores é uma ferramenta que utiliza os marcadores em desequilíbrio de ligação com genes que influenciam características de interesse econômico (WILLIAMS, 2005).

O desequilíbrio de ligação ocorre em função da restrição aos eventos de recombinação entre os locos que pode ser decorrente de ligação física dos genes em um cromossomo ou de outros fatores capazes de produzir associações não aleatórias entre alelos de locos não ligados, como por exemplo, a subdivisão da população, o efeito fundador ou a seleção de uma combinação alélica multifocal favorável (AVISE, 1994).

Em síntese, associações entre marcadores polimórficos e características de importância econômica podem ser estabelecidas quando o próprio marcador é o responsável pelas diferenças fenotípicas, ou quando, estando ligados no mesmo cromossomo o gene ou a região cromossômica responsável pela variação fenotípica observada na população e o marcador, há desequilíbrio de ligação que gera efeitos quantitativos associados ao marcador que podem ser detectados e estimados.

Segundo Davis et al. (1998), as principais características da MAS são: predição do valor genético de características difíceis de mensurar, não sendo necessário o desenvolvimento completo do indivíduo para que se possa fazer seleção; determinação do efeito individual de cada loco de um caráter quantitativo, além de determinação do quanto desse caráter é explicado por um ou mais marcadores; e seleção para características difíceis de conseguir progresso genético, por possuírem baixa herdabilidade. Outra aplicação potencial da MAS consiste em romper correlações genéticas entre características, pela exploração individual de regiões cromossômicas não envolvidas na determinação dessas correlações.

Os marcadores moleculares são ferramentas adicionais para melhorar a eficiência dos processos de seleção, portanto a seleção assistida por marcadores deve ser realizada concomitantemente com a seleção tradicional, uma vez que o uso de marcadores moleculares pode permitir a identificação de animais heterozigotos

portadores de alelos recessivos responsáveis pela manifestação de doenças genéticas e melhorar a acurácia da estimativa do valor genético. Porém dar maior ênfase a somente um marcador pode ocasionar perda da variabilidade em outros locos, o que poderá dificultar e impedir futuras seleções e, ainda, ocasionar fixação de alelos desfavoráveis (KINGHORN et al., 2006). Segundo Goddard & Hayes (2002), as diferenças nas seqüências de moléculas de DNA podem ser responsáveis pelas diferenças no fenótipo ou estarem ligadas, no mesmo cromossomo, ao gene que afeta o fenótipo dos animais, sendo assim, os marcadores genéticos são particularmente úteis como auxílio à seleção para características qualitativas da carne, além de diversas características que são difíceis de serem selecionadas pelos métodos convencionais, como é o caso da seleção para resistência a doenças e da seleção para eficiência reprodutiva.

Meuwissen & Goddard (1996), trabalhando com dados simulados, estimaram aumento da resposta à seleção para eficiência reprodutiva e qualidade de carne de 38% a 64% com o uso de marcadores genéticos, confirmando os relatos de que os marcadores têm importante papel no aumento da precisão de seleção e, conseqüentemente, da resposta à seleção.

Observa-se, portanto, pela revisão de literatura, que existe campo para se obter progresso genético nas características de carcaça área de olho de lombo e espessura de gordura subcutânea, tanto pela abordagem quantitativa quanto pela molecular. Entretanto, para a raça Canchim, é necessário avaliar a existência de variação genética aditiva nessas características, que justifique incluí-las como critérios de seleção, e validar marcadores moleculares associados a elas, para incluí-los em um programa de seleção assistida por marcadores.

REFERÊNCIAS

ALENCAR, M. M. **Bovino – Raça Canchim: origem e desenvolvimento**. Documento, 4. Brasília, EMBRAPA-DPU, 1988. 102p.

ALENCAR, M. M., BARBOSA, P. F., BARBOSA, R. T., VIEIRA, R. C. Parâmetros genéticos para peso e circunferência escrotal em touros da raça Canchim. **Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 22, n. 4, p. 572-583, 1993.

ANUALPEC, 2006. **Anuário da Pecuária Brasileira**. São Paulo: FNP, Consultoria & Comércio, 2006.

ARNOLD, J. W., BERTRAN, J. K., BENYSHEK, L. L., LUDWIG, C. Estimates of genetic parameters for live animal ultrasound, actual carcass data and growth traits in beef cattle. **Journal of Animal Science**, Savoy, v. 69, p. 985-992, 1991.

AVISE, J. C. **Molecular markers, natural history and revolution**. New York: Chapman & Hall, 1994. 506p.

BALDI, F.S., ALENCAR, M. M., FREITAS, A. R. Correlações genéticas de características de crescimento e condição corporal com características de eficiência produtiva de fêmeas da raça Canchim. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 44., 2007, Jaboticabal. **Anais...** Jaboticabal: SBZ, 2007a. 1 CD-ROM.

BALDI, F. S., ALENCAR, M. M., ALBUQUERQUE, L. G., BARBOSA, P. F. Avaliação de diferentes modelos para estimação de parâmetros genéticos para características de crescimento em bovinos da raça Canchim. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 44, 2007, Jaboticabal, SP. **Anais...** Jaboticabal: SBZ, 2007b. 1 CD-ROM.

BARBOSA, P. F. Critérios de seleção para a raça Canchim. In: CONVENÇÃO NACIONAL DA RAÇA CANCHIM, 3., 1997, São Carlos. **Anais...** São Carlos: EMBRAPA-CPPSE/ São Paulo: ABCCAN, 1997. p. 47-75

BARBOSA, P. F., ALENCAR, M. M., SILVA, A. M. Peso à maturidade, taxa de maturação e eficiência produtiva em fêmeas da raça Canchim. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, Belo Horizonte, v. 54, n. 5, p. 510-517, 2002.

BARICHELO, F., ALENCAR, M. M., TORRES JÚNIOR, R. A. A., SILVA, L. O. C. Estimativas de herdabilidade de peso, perímetro escrotal e escores e avaliação visual à desmama, em bovinos da raça Canchim. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 44., 2007, Jaboticabal, SP. **Anais...** Jaboticabal: SBZ, 2007. 1 CD-ROM.

BARROS, M. A. **Avaliação “in vivo” de carcaças bovinas**. Pirassununga – SP, Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos – USP, seminário, 1993.

BISHOP, M. D., KAPPES, S. M., KEELE, J. W., STONE, R. T., SUNDEN, S. L. F., HAWKINS, G. A., TOLDO, S. S., FRIES, R., GROSZ, M. D., YOO, J., BEATTIE, C. W. A genetic linkage map for cattle. **Genetics**, Pittsburgh, v. 136, p. 619-639, 1994.

BOGGS, D. L., MEYER, A. R. **Live animal carcass evaluation in selection manual**. 3. ed. Dubuque, Iowa, Kendall/Hunt Publishing Co., 1990. 211p.

BRETHOUR, J. R. The repeatability and accuracy of ultrasound in measuring backfat of cattle. **Journal of Animal Science**, Savoy, v. 70, p. 3908-3916, 1992.

BULLOCK, K. D., BERTRAND, J. K., BENYSHEK, L. L., WILLIAMS, S. E., LUST, D. G. Comparison of real-time ultrasound and other live measures to carcass measures as predictors of beef cow energy stores. **Journal of Animal Science**, Savoy, v. 69, p. 3908-3916, 1991.

CASAS, E. S. D., SHACKELFORD, S. D., KEELE, J. W., STONE, R. T., KAPPES, S. M., KOOHMARAIE, M. Quantitative trait loci affecting growth and carcass composition of cattle segregating alternative forms of myostatin. **Journal of Animal Science**, Savoy, v. 78, p. 560-569, 2000.

CASAS, E. S. D., SHACKELFORD, S. D., KEELE, J. W., KOOHMARAIE, M., SMITH, T. P. L., STONE, R. T. Detection of quantitative trait loci for growth and carcass composition in cattle. **Journal of Animal Science**, Savoy, v. 81, p. 2976-2983, 2003.

CASTRO-PEREIRA, V. M., ALENCAR, M. M., BARBOSA, R. T. Estimativas de parâmetros genéticos e de ganhos direto e indireto à seleção para características reprodutivas e de crescimento em um rebanho da raça Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 36, n. 4, p. 1029-1036, 2007a (suplemento).

CASTRO-PEREIRA, V. M., ALENCAR, M. M., BARBOSA, P. F. Estimativas de parâmetros genéticos e de ganhos direto e indireto à seleção para características de crescimento de machos e fêmeas da raça Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 36, n. 4, p. 1037-1044, 2007b (suplemento).

CREWS JR, D. H., POLLAK, E. J., WEABER, R. L., QUAAS, R. L., LIPSEY, R. J. Genetic parameters for carcass traits and their live animal indicators in Simmental cattle. **Journal of Animal Science**, Savoy, v. 81, p. 1427-1433, 2003.

CUNDIFF, L. V. KOCH, R. M., GREGORY, K. E., CROUSE J. D., DIKEMAN, M. E. Characteristics of diverse breeds in cycle IV of the cattle germoplasm evaluation program. **Beef Research-Progress Report**, Washington, v. 4, p. 63-71, 1993.

CYRILLO, J. N. S. G., MERCADANTE, M. E. Z., SILVA, S. L., RAZOOK, A. G., FIGUEIREDO, L. A., SILVA, J. A. II V. Estimativas de parâmetros para pesos, alturas, escores visuais e características de carcaça obtidas por ultra-som em bovinos Nelore. In: REUNIÓN DE LA ASOCIACIÓN LATINOAMERICANA DE PRODUCCIÓN ANIMAL, 19., Tampico. **Anales...** Tampico: ALPA, 2005. 1 CD-ROM.

DAVIS G. P., DENISE S. K. The impact of genetic markers on selection. **Journal of Animal Science**, Savoy, v. 76, p. 2331-2359, 1998.

DAVIS, M. E., BOYLES, S. L., MOELLER, S. J., SIMMEN, R. C. M. Genetic parameter estimates for serum insulin-like growth factor-I concentration and ultrasound measurements of backfat thickness and longissimus muscle area in Angus beef cattle. **Journal of Animal Science**, Savoy, v. 81, p. 2164-2170, 2003.

FERREIRA, M.E., GRATTAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética**, 2ªed. Brasília: EMBRAPA/Cenargem, 1996.

FIGUEIREDO, L. G. G., ELER, J. P., FERRAZ, J. B. S., OLIVEIRA, F. F., SHIMBO, M. V., JUBILEU, J. da S. Componentes de variância para área de olho de lombo e espessura de gordura subcutânea. In: SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 3., Pirassununga, SP. **Anais...** Pirassununga: SBZ, 2002. 1 CD-ROM.

GIANLORENÇO, V. K., ALENCAR, M. M., TORAL, F. B., MELLO, S. P. FREITAS, A. R., BARBOSA, P. F. Herdabilidades e correlações genéticas de características de machos e fêmeas, em um rebanho bovino da raça Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 32, n. 6 (Suplemento 1), p. 1587-1593, 2003.

GODDARD, M. E., HAYES, B. J. Optimization of response using molecular data. In: THE WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 7., 2002, Montpellier. **Anais...** Montpellier, 2002. 1 CD-ROM.

HASSEN, A., WILSON, D. E., ROUSE, G. H. Evaluation of Carcass, Live, and Real-Time Ultrasound Measures in Feedlot Cattle: I. Assessment of Sex and Breed Effects. **Journal of Animal Science**, Savoy, v. 76, p. 273-282, 1998.

HERRING, W. O., KRIESE, L. A., BERTRAND, J. K., CROUCH, J. Comparison of four real-time ultrasound systems that predict intramuscular fat in beef cattle. **Journal of Animal Science**, Savoy, v. 76, p. 364-370, 1998.

HOUGHTON, P. L., TURLINGTON, L. M. Application of ultrasound for feeding and finishing animals: A review. **Journal of Animal Science**, Savoy, v. 70, p. 930-941, 1992.

KAPPES, S. M., KEELE, J. W., STONE, R. T., MCGRAW, R. A., SONSTEGARD, T. S., SMITH, T. P. L., LOPEZ-CORRALES, N. L., BEATTIE, C. W. A second-generation linkage map of the bovine genome. **Genomic Research**, Cold Spring Harbor, v. 7, p. 235-249, 1997.

KARSBURG, J. H., FERRAZ, J. B. S., MOURÃO, G. B., FIGUEIREDO, L. G. G., MATTOS, E. C. de, ELER, J. P. Estimação de componentes de variância e parâmetros genéticos para características de crescimento e de carcaça em bovinos da raça Santa Gertrudis. In: SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 5., Pirassununga, SP. **Anais...** Pirassununga: SBMA, 2004. 1 CD-ROM.

KEMP, D. J., HERRING, W. O., KAISER, C. J. Genetic and environmental parameters for steer ultrasound and carcass traits. **Journal of Animal Science**, Savoy, v. 80, p. 1489-1496, 2002.

KINGHORN, B., MERF, J.van der, RYAN, M. **Animal breeding: use of new technologies; a textbook for consultants, farmers, teachers and for students of animal breeding.** 367 p. 2006.

LI, C., BASARAB, J., SNELLING, W. M., BENKEL, B., KNEELAND, J., MURDOCH, B., HANSEN, C., MOORE, S. S. Identification and fine mapping of quantitative trait loci for backfat on bovine chromosomes 2, 5, 6, 19, 21, and 23 in a commercial line of *Bos taurus*. **Journal of Animal Science**, Savoy, v. 82, p. 967-972, 2004.

LUCHIARI FILHO, A. **A pecuária da carne bovina.** 1 ed. São Paulo, 2000.134p.

MACHADO, M. B. B., ALENCAR, M. M., PEREIRA, A. P., OLIVEIRA, H. N., CASAS, E. COUTINHO, L. L. REGITANO, L. C. QTL affecting body weight in a candidate region of cattle chromosome 5. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 26, n. 3, p. 259-265, 2003.

MASCIOLI, A. S., ALENCAR, M. M., BARBOSA, P. F., NOVAES, A. P., OLIVEIRA, M. C. S. Estimativas de parâmetros genéticos e proposição de critérios de seleção para pesos na raça Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 25, n. 1, p. 72-82, 1996.

MASCIOLI, A. S., PAZ, C. P., FARO, L. ALENCAR, M. M., TREMATORE, R. L., ANDRADE, A. B. F., OLIVEIRA, J. A. L. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para características de crescimento até a desmama em bovinos da raça Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 26, n. 04, p. 709-713, 1997.

MAY, S. G., MIES, W. L., EDWARDS, J. W., HARRIS, J. J., MORGAN, J. B., GARRETT, R. P., WILLIAMS, F. L., WISE, J. W., CROSS, H. R., SAVELL, J. W. Using live estimates and ultrasound measurements to predict beef carcass cutability. **Journal of Animal Science**, Savoy, v. 78, p. 1255-1261, 2000.

MELLO, S. P., ALENCAR, M. M., SILVA, L. O. C., BARBOSA, R. T., BARBOSA, P. F. Estimativas de (co)variâncias e tendências genéticas para pesos em um rebanho Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 31, n. 4, p. 1707-1714, 2002.

MELLO, S. P., ALENCAR, M. M., TORAL, F. B., GIANLORENÇO, V. K. Estimativas de parâmetros genéticos para características de crescimento e produtividade em vacas da raça Canchim, utilizando-se inferência bayesiana. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 35, n. 1, p. 92-97, 2006.

MEUWISSEN, T.H.E., GODDARD, M.E. The use of marker haplotypes in animal breeding schemes. **Genetics Selection Evolution**, Jouy-en-Josas, v. 28, p. 161-176, 1996.

MEYER, K., JOHNTON, D. J., GRASER, H. U. Estimates of the complete genetic covariance matrix for traits in multi-trait genetic evaluation of Australian Hereford cattle. **Australian Journal of Agricultural Research**, Collingwood, v. 55, p. 195-210, 2004.

MOSER, D. W., BERTRAND, J. K., MISZTAL, I., KRIESE, L. A., BENYSHEK, L. L. Genetic parameters for carcass and yearling ultrasound measurements in Brangus cattle. **Journal of Animal Science**, Savoy, v. 76, p. 2542-2548, 1998.

MUCARI, T. B., ALENCAR, M. M., BARBOSA, P. F. Correlações genéticas entre características de fêmeas associadas ao desempenho reprodutivo de um rebanho Canchim. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 43., 2006, João Pessoa, **Anais...**João Pessoa: SBZ, 2006. 1 CD-ROM.

MULLIS, K. B. **The unusual origin of the polymerase chain reaction**. *Scientific American*, v. 262, p. 36-42, 1990.

PEREIRA, A. P., ALENCAR, M. M., OLIVEIRA, H. N., REGITANO, L. C. Association of GH and IGF-1 polymorphisms with growth traits in a synthetic beef cattle breed. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 28, n. 2, p. 230-236, 2005.

PERKINS, T. L., GREEN, R. D., HAMLIN, K. E., SHEPARD, H. H., MILLER, M. F. Ultrasonic prediction of carcass merit in beef cattle: evaluation of technician effects on ultrasonic estimates of carcass fat thickness and Longissimus muscle area. **Journal of Animal Science**, Savoy, v. 70, p. 2758-2765, 1992a.

PERKINS, T. L., GREEN, R. D., HAMLIN, K. E. Evaluation of ultrasonic estimates of carcass fat thickness and Longissimus muscle area in beef cattle. **Journal of Animal Science**, Savoy, v. 70, p. 1002-1010, 1992b.

RAMALHO, M. A. P., SANTOS, J. B., PINTO, C. A. B. P. **Genética na agropecuária**. 3 ed. Lavras, 2004. 472p.

REGITANO, L. C. A. Resultados de mapeamentos de QTLs em bovinos. 2003; Palestra; Divulgação científica; EMBRAPA – CNPGL; EMBRAPA – CNPGL; Juiz de Fora – MG; BRASIL; Impresso.

REGITANO, L. C. A., CARRIJO, S. M., ALENCAR, M. M., TORAL, F. L. B. Efeito do polimorfismo *PIT-1-HINF-1* sobre o ganho de peso diário do nascimento à desmama de bovinos da raça Canchim. In: SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 5., 2004, Pirassununga, **Anais...**Pirassununga: SBMA, 2004. 1 CD-ROM.

REVERTER, A., JOHNSTON, D. J., GRASER, H. U., WOLCOTT, M. L., UPTON, W. H. Genetic analyses of live animal ultrasound and abattoir carcass traits in Australian Angus and Hereford cattle. **Journal of Animal Science**, Savoy, v. 78, p. 1786-1795, 2000.

SAINZ, R. D. Qualidade das carcaças e da carne bovina. In: CONGRESSO BRASILEIRO DAS RAÇAS ZEBUÍNAS, 2, 1996. Uberaba. **Anais...** Uberaba: ABCZ, 1996.

SILVA, A. M., ALENCAR, M. M., FREITAS, A. R., BARBOSA, R. T., OLIVEIRA, M. C. S., NOVAES, A. P., TULLIO, R. R, CORRÊA, L. A. Herdabilidade e correlações genéticas para peso e perímetro escrotal de machos e características reprodutivas e de crescimento de fêmeas, na raça Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 29, n. 06, Suplemento 2, p. 2223-2230, 2000.

STELZLENI, A. M., PERKINS, T. L., BROWN JR, A. H., POHLMAN, F. W., JOHNSON, Z. B., SANDELIN, B. A. Genetic parameter estimates of yearling live animal ultrasonic measurements in Brangus cattle. **Journal of Animal Science**, Savoy, v. 80, p. 3150-3153, 2002.

TALHARI, F. M., ALENCAR, M. M., MASCIOLI, A. S., SILVA, A. M., BARBOSA, P. F. Correlações genéticas entre características produtivas de fêmeas em um rebanho da raça Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 32, n. 4, p. 880-886, 2003.

TAROUCO, J. U., LOBATO, J. F. P., TAROUCO, A. K., MASSIA, G. S. Relação entre medidas ultra-sônicas e espessura de gordura subcutânea ou área de olho de lombo na carcaça em bovinos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 34, n. 6, p. 2074-2084, 2005.

TAUTZ, D. Hypervariability of simple sequences as a general source for polymorphic DNA markers. **Nucleic Acids Research**, Oxford, v. 17, p. 6463-6471, 1989.

TAYLOR, J. F., COUTINHO, L. L., HERRING, K. L., GALLAGHER, D. S., BRENNEMAN, R. A., BURNEY, N., SANDERS, J. O., TURNER, J. W., SMITH, S. B., MILLER, R. K., SAVELL, J. W., DAVIS, S. K. Candidate gene analysis of GH1 for effects on growth and carcass composition of cattle. **Animal Genetics**, Sidney, v. 29, p. 194-201, 1998.

TORAL, F. L. B., ALENCAR, M. M., FREITAS, A. R. Abordagens freqüentista e bayesiana para avaliação genética de bovinos da raça Canchim para características de crescimento. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 36, n. 1, p. 43-53, 2007.

TURNER, J. W., PELTON, L. S., CROSS, H. R. **Using live animal ultrasound measures of ribeye area and fat thickness in yearling Hereford bulls**. College Station: Texas A&M University, 1990.

VIANNA, A. T., GOMES, F. P., SANTIAGO, M. **Formação do gado Canchim pelo cruzamento Charolês – Zebu**. 2.ed., São Paulo, Nobel, 1978, 193p.

YOKOO, M. J., ALBUQUERQUE, L. G. de, BIGNARDI, A. B., PEREIRA, M. C., SAINZ, R. D., LOBO, R. B., PEREIRA, C. S. , BEZERRA, L. A. F., ARAUJO, F. R. C. Estimates of genetic correlations between carcass and growth traits and scrotal circumference in Nelore cattle. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 8., 2006, Belo Horizonte, MG. **Proceedings...** Belo Horizonte. 1 CD-ROM.

YOKOO, M. J., ALBUQUERQUE, L. G. de, LOBO, R. B., MAGNABOSCO, C. de U., SAINZ, R. D., ARAUJO, F. R. C. Estimativas de efeitos genéticos e ambientais que afetam as características de carcaça medidas pela ultra-sonografia aos 13 meses de idade, em rebanhos Nelore. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 44., 2007, Jaboticabal, SP. **Anais...** Jaboticabal: SBZ, 2007. 1 CD-ROM.

WALDNER, D. N., DIKEMAN, M. E., SCHALLES, R. R., OLSON, W. G., HOUGHTON, P. L., UNRUH, J. A., CORAH, L. R. Validation of Real-Time Ultrasound Technology for Predicting Fat Thickness, Longissimus Muscle Area, and Composition of Brangus Bulls From 4 Months to 2 years of Age. **Journal of Animal Science**, Savoy, v. 70, p. 3044-3054, 1992.

WILLIAMS, J.L. The use of marker-assisted selection in animal breeding and biotechnology. **Revue scientifique et technique (International Office of Epizootics)**, 2005, 24 (1), 379-391.

WILSON, D.E., ROUSE, G.H., GRASER, G.H., AMIN, V. **The prediction of carcass traits using live animal ultrasound**. Beef Research Report. Ames: Iowa State University, 1998.

CAPÍTULO 2 - ESTUDO DE EFEITOS AMBIENTAIS E ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS DE CARCAÇA EM BOVINOS DA RAÇA CANCHIM CRIADOS EM PASTAGENS

RESUMO – As características espessura de gordura subcutânea (EGS) e área de olho de lombo (AOL) são importantes na determinação da eficiência de produção de carne bovina e da qualidade do produto, e o conhecimento de parâmetros genéticos é essencial para o delineamento de programas de seleção para melhorá-las. O objetivo neste trabalho foi estudar efeitos ambientais sobre EGS, AOL e peso, medidos aos 18 meses de idade, e estimar parâmetros genéticos para essas características, em 987 bovinos da raça Canchim (5/8 Charolês + 3/8 zebu) e do grupo MA (filhos de touros Charolês e vacas 1/2 Canchim + 1/2 zebu), nascidos em 2003, 2004 e 2005. Utilizou-se o método dos quadrados mínimos, cujo modelo estatístico incluiu os efeitos de ano de nascimento, rebanho, grupo genético, sexo e a covariável idade do animal (efeito linear). Para estimar os parâmetros genéticos, foram realizadas análises pelo método da máxima verossimilhança restrita utilizando-se um modelo animal com efeitos fixos e os efeitos aleatórios genético aditivo direto e residual. Os machos apresentaram médias de AOL e peso mais altas do que as fêmeas e os animais MA médias mais altas do que os Canchim para todas as três características, havendo também efeitos de rebanho e de ano de nascimento. As estimativas de herdabilidade de AOL ($0,33 \pm 0,09$), EGS ($0,24 \pm 0,09$) e peso ($0,23 \pm 0,09$) foram moderadas indicando que elas devem responder à seleção. A estimativa de correlação genética ($0,21 \pm 0,24$) entre EGS e com AOL foi baixa sugerindo que essas características são controladas por diferentes conjuntos de genes de ação aditiva. As correlações genéticas estimadas de peso com EGS ($0,57 \pm 0,23$) e AOL ($0,62 \pm 0,16$) foram moderadas, indicando que a seleção para aumento de peso deverá também resultar em aumentos em EGS e AOL ou vice versa.

PALAVRAS-CHAVE: área de olho de lombo, correlação genética, espessura de gordura, herdabilidade, peso

Study of environmental effects and genetic parameters estimates for carcass traits in Canchim cattle

ABSTRACT – Carcass traits like back fat thickness (BFT) and rib eye area (REA) are important to determine production efficiency and beef quality. To consider them as selection criteria in a breeding program it is essential to know their genetic parameters. The objective in this work was to study the effects of environmental factors on BFT, REA and body weight (BW) measured at 18 months of age and to estimate heritabilities and genetic correlations for these traits, in 987 Canchim (5/8 Charolais + 3/8 zebu) and MA (offspring of Charolais bulls and 1/2 Canchim + 1/2 Zebu cows) bulls and heifers, born from 2003 to 2005 and grown on pasture. The least squares method, with a model that included the fixed effects of year of birth, herd, sex, genetic group and age (covariate), was used to evaluate environmental effects. One and two-trait analyses with a model that included fixed effects and the additive direct and residual random effects, by the restricted maximum likelihood method, were undertaken to estimate the genetic parameters. All effects included in the model for the analyses of variance significantly affected all traits studied, with the exception of year of birth for REA and of sex for BFT. In general, bulls showed higher REA and BW than heifers and MA animals higher means than Canchim animals, for all traits studied. The heritability estimates of REA (0.33 ± 0.09), BFT (0.24 ± 0.09) and BW (0.23 ± 0.09) were moderate indicating that they should respond to selection. The genetic correlation between BFT and REA (0.21 ± 0.24) was low suggesting that the traits are affected by different sets of genes with additive action. The genetic correlations of BW with BFT (0.57 ± 0.23) and AOL (0.62 ± 0.16) were moderate indicating that selection to increase BW should also increase the carcass traits or vice versa.

KEY WORDS: backfat thickness, body weight, genetic correlation, heritability, rib eye area

Introdução

Para manter a posição de maior exportador de carne bovina, o Brasil precisa adequar sua produção aos padrões e exigências estabelecidos pelos importadores. Um dos aspectos mais importantes a ser melhorado na pecuária bovina de corte do Brasil diz respeito às características determinantes da qualidade das carcaças.

Dentre as características de carcaça, a espessura de gordura subcutânea (EGS) tem grande importância no processamento da carne, sendo fundamental no processo de resfriamento da carcaça, pois serve como isolamento térmico. O resfriamento deve ser feito de forma lenta e gradual para não causar encurtamento das fibras e, conseqüentemente, o endurecimento da carne. A ausência de gordura de cobertura permite perda excessiva de água, ocasionando, além da perda de peso, o escurecimento da carne durante o período de resfriamento. A conseqüência é a diminuição do peso dos cortes comerciais e a redução na qualidade da carne (FIGUEIREDO, 2001). Segundo Ferreira et al. (2006), os frigoríficos exigem que a carcaça tenha no mínimo 3,00 mm de espessura de gordura sobre a 12^a costela.

Outra característica de carcaça importante é a área de olho de lombo (AOL), medida relacionada à musculosidade e usada como indicadora de rendimentos dos cortes de alto valor comercial, apresentando correlação positiva com a porção comestível da carcaça (LUCHIARI FILHO, 2000).

Portanto, considerando-se a melhoria da qualidade das carcaças bovinas como objetivo de seleção, essas duas características, espessura de gordura subcutânea e área de olho de lombo, podem ser incluídas como critérios de seleção nos programas de melhoramento genético de bovinos de corte do País. Para tanto, é necessário verificar os efeitos de fatores de meio que podem atuar sobre estas características e estimar parâmetros genéticos para elas, para que o progresso genético esperado possa ser calculado, fornecendo subsídio aos programas de avaliação genética para a tomada de decisões. Dessa maneira, os objetivos neste trabalho foram estudar efeitos de ambiente sobre a espessura de gordura subcutânea e a área de olho de lombo e

estimar parâmetros genéticos dessas características e do peso em bovinos da raça Canchim criados em pastagens, em média com 18 meses de idade.

Material e Métodos

As medidas de espessura de gordura subcutânea (EGS) e de área de olho de lombo (AOL) foram realizadas nos anos 2005, 2006 e 2007 em animais da raça Canchim e do grupo MA (filhos de touros Charolês e vacas 1/2 Canchim + 1/2 zebu), machos e fêmeas, com média de 18 meses de idade, criados em sete fazendas de dois estados do Brasil (SP e GO). Em 2005 e 2006 foram coletados dados em apenas duas fazendas.

As medidas de EGS (mm) e de AOL (cm²) foram coletadas transversalmente no músculo *Longissimus dorsi* na região entre a 12^a e 13^a costelas. Para a coleta das imagens, utilizou-se óleo vegetal no local da medição, para garantir o contato acústico entre a sonda linear e o corpo do animal. Nos anos 2005 e 2006, as mensurações foram feitas utilizando-se um aparelho Piemedical Scanner 200 Vet com transdutor linear de 18 cm e 3,5 MHz, enquanto que em 2007 utilizou-se um aparelho ALOKA 500V, com sonda linear de 17,2 cm e 3,5 MHz. As medidas de ultra-som foram tomadas em março e abril de cada ano, quando os animais tinham de 16 a 22 meses de idade, dentro do sugerido por Magnabosco et al. (2003), data em que também foram obtidos os pesos (kg) dos animais.

Para verificar os efeitos de meio e genéticos que influenciam as características de carcaça e o peso, foram feitas análises de variância pela metodologia dos quadrados mínimos, utilizando-se modelo estatístico que incluiu os efeitos de ano de nascimento, grupo genético (Canchim ou MA), rebanho e sexo do animal, além da covariável idade do animal por ocasião da medida. Foram utilizados dados de 987 animais, filhos de 122 touros.

Foram realizadas análises uni e bicaracterísticas para obtenção dos componentes de (co) variância e das herdabilidades e correlações genéticas entre as

características. Utilizou-se um modelo animal com os efeitos fixos de grupo de contemporâneos e da covariável idade do animal na data da medida (efeito linear), além dos efeitos aleatórios genéticos aditivos diretos e residuais. Nas análises unicaracterísticas de EGS e AOL o modelo estatístico incluía ou não incluía a covariável peso do animal. As análises foram realizadas pelo método da Máxima Verossimilhança Restrita Livre de Derivadas, utilizando-se o programa computacional MTDFREML (BOLDMAN et al., 1995). O grupo de contemporâneos (GC) foi formado pelas variáveis ano de nascimento, rebanho, grupo genético e sexo. No caso das análises bicaracterísticas, consideraram-se observações que possuíam as medidas nas duas características. Os GC com menos de dois animais foram excluídos. O modelo estatístico, na forma matricial, é o seguinte:

$$y = X\beta + Za + e,$$

em que: y = vetor das variáveis dependentes; β = vetor de efeitos fixos (grupo de contemporâneos e covariável); a = vetor de efeitos genéticos aditivos diretos; e = vetor de erros aleatórios residuais associados às observações; e X e Z = são as respectivas matrizes de incidência para cada efeito.

Este modelo leva em conta as seguintes pressuposições:

$$E(y) = X\beta, E(a) = 0 \text{ e } E(e)=0$$

$$\text{Var} \begin{bmatrix} a \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} G & 0 \\ 0 & R \end{bmatrix}$$

em que:

$G = A \sigma_a^2$, matriz de variância genética aditiva;

A = matriz de parentesco;

$R = I \sigma_e^2$, matriz de variância residual;

I = matriz identidade;

σ_a^2 = variância genética aditiva direta;

σ_e^2 = variância residual.

Para EGS e AOL, apesar do pequeno número de observações, foram feitas também análises uni e bicaracterísticas considerando-as como sendo características diferentes quando medidas nos machos e nas fêmeas, para verificar se existe diferença nas estimativas de herdabilidade em função do sexo do animal. Para essas análises, o modelo foi semelhante ao mencionado anteriormente, mas excluindo-se sexo do grupo de contemporâneos e, no caso da análise bicaracterísticas, a covariância residual foi considerada igual a zero.

Resultados e Discussão

Na Tabela 1 são apresentadas a estrutura dos dados e estatísticas descritivas das características estudadas (EGS, AOL, Peso).

As médias de EGS e AOL observadas neste trabalho são semelhantes às encontradas por Figueiredo (2001) e por Yokoo et al. (2005a) que trabalharam com bovinos da raça Nelore criados em pastagens ou semi-confinados com idades semelhantes às dos animais deste trabalho. Diversos autores observaram valores superiores aos do presente estudo para as médias de AOL e inferiores para EGS (TURNER et al., 1990; ARNOLD et al., 1991; MOSER et al., 1998; KEMP et al., 2002; KARSBURG et al., 2004) para animais das raças Hereford, Brangus, Angus ou Santa Gertrudis com idades entre 350 e 555 dias, que variaram de 47,46 cm² a 86,00 cm² e de 0,47 mm a 0,95 mm, respectivamente.

Observou-se, Tabela 1, elevado coeficiente de variação (40,67%) para a característica EGS, valor que concorda com Meyer et al. (2004) que reportaram médias de 3,46 mm e 4,09 mm e desvios-padrão de 1,55 mm e 2,08 mm para a EGS de touros e novilhas Hereford, respectivamente.

Tabela 1. Estrutura dos dados e estatísticas descritivas das características peso (Peso), espessura de gordura subcutânea (EGS) e área de olho de lombo (AOL) de bovinos da raça Canchim criados em pastagens.

Característica	Animais em A ⁻¹	GC	N	Média ± DP	CV (%)	Mínimo	Máximo
Peso (kg)	3.946	32	950	323,26 ± 59,00	18,25	163	564
EGS (mm)	3.946	32	987	1,90 ± 0,77	40,67	0,60	5,40
AOL (cm ²)	3.946	32	987	46,60 ± 9,19	19,73	19,91	75,30

A⁻¹ = matriz de parentesco; GC = número de grupo de contemporâneos; N = Número de animais com medida; DP = desvio padrão; CV = coeficiente de variação.

Na Tabela 2 é apresentado o resumo das análises de variância das características estudadas. Todos os efeitos incluídos no modelo foram significativos (P<0,05 ou P<0,01) para todas elas, com exceção de ano de nascimento para AOL e de sexo para EGS.

Tabela 2. Resumo das análises de variância da espessura de gordura subcutânea (EGS - mm), área de olho de lombo (AOL - cm²) e peso (kg) de bovinos da raça Canchim criados em pastagens.

Fonte de variação	Graus de liberdade	Quadrados médios		
		EGS	AOL	Peso
Ano de nascimento	2	69,26**	0,80 ^{ns}	6.964,80*
Rebanho	6	4,87**	1.672,26**	77.400,57**
Sexo	1	1,03 ^{ns}	7.224,65**	662.023,11**
Grupo genético	1	1,58*	405,60**	76.724,10**
Idade	1	8,94**	1.586,53**	253.978,83**
Resíduo	975	0,28	53,77	
	938			1.812,38
R ²		0,53	0,37	0,48

R² = coeficiente de determinação; Idade = idade do animal na mensuração. * P < 0,05; ** P < 0,01; ^{ns} não significativo.

As médias estimadas de EGS, AOL e Peso são apresentadas na Tabela 3, para os principais efeitos fixos considerados no modelo.

Tabela 3. Médias estimadas da área de olho de lombo (AOL), espessura de gordura subcutânea (EGS) e peso, de acordo com ano de nascimento, rebanho, sexo e grupo genético de bovinos da raça Canchim criados em pastagens.

Fonte de variação	Classe	Número de animais	Característica		
			AOL (cm ²)	EGS (mm)	Peso (kg)
Ano	2003	260	45,50 ± 0,73	1,73 ± 0,05	332,34 ± 4,51
	2004	276	45,38 ± 0,74	1,80 ± 0,05	343,50 ± 4,24
	2005	451	45,42 ± 0,47	2,68 ± 0,03	339,08 ± 2,76
Rebanho	1	44	54,03 ± 1,19	2,24 ± 0,09	404,67 ± 6,83
	2	28	45,73 ± 1,48	2,42 ± 0,11	339,71 ± 8,65
	3	397	45,95 ± 0,45	1,77 ± 0,03	324,37 ± 2,67
	4	387	50,11 ± 0,38	1,65 ± 0,03	336,31 ± 2,35
	5	50	36,21 ± 1,16	1,88 ± 0,08	266,55 ± 6,77
	6	50	43,02 ± 1,21	2,26 ± 0,09	344,17 ± 6,98
	7	31	43,02 ± 1,45	2,28 ± 0,10	352,36 ± 8,39
Sexo	Machos	455	48,31 ± 0,62	2,10 ± 0,04	366,05 ± 3,65
	Fêmeas	532	42,57 ± 0,57	2,03 ± 0,04	310,57 ± 3,31
Grupo Genético	Canchim	713	44,59 ± 0,49	2,02 ± 0,03	326,19 ± 2,79
	MA	274	46,28 ± 0,73	2,12 ± 0,05	350,42 ± 4,38

Como era de se esperar, a AOL e o Peso foram maiores nos machos que nas fêmeas, uma vez que os machos inteiros têm maior velocidade de crescimento muscular em relação aos machos castrados e às fêmeas (LAWRIE, 1991; FELÍCIO, 1997). Além disso, pelo fato de a AOL ter correlação alta com o Peso (MOSER et al., 1998; STELZLENI et al., 2002), esperava-se que os machos apresentassem maior AOL. Yokoo et al. (2007) também observaram maior AOL em machos do que em fêmeas, na raça Nelore. Hassen et al. (1998) verificaram, em animais cruzados, maior área de olho de lombo na carcaça de touros do que de novilhos, quando abatidos aos 15 meses de idade após confinamento.

O sexo do animal não apresentou efeito significativo sobre EGS, ao contrário do que era esperado, uma vez que, segundo Luchiari Filho (2000), o sexo do animal influencia o crescimento dos tecidos da carcaça, com efeito mais pronunciado

observado através do processo de engorda. Ainda segundo o mesmo autor, a taxa de acúmulo de gordura nos machos inteiros é menor do que nos novilhos que é menor do que nas novilhas. Burrow et al. (1991), estudando animais cruzados zebu, observaram que, de acordo com as curvas de crescimento alométrico, as fêmeas depositam gordura mais precocemente que os machos castrados e machos inteiros. Neste trabalho a EGS foi a mesma para machos inteiros e para fêmeas, discordando dos resultados de Yokoo et al. (2007), os quais verificaram maior espessura de gordura obtida por ultra-som em fêmeas em relação aos machos, em animais da raça Nelore. Em animais cruzados, Hassen et al. (1998) verificaram maior espessura de gordura na carcaça de novilhos, seguidos de novilhas e por último de touros, quando confinados após a desmama e abatidos próximos aos 15 meses de idade.

Em relação aos grupos genéticos, observou-se maiores AOL, EGS e Peso nos animais MA. Estes animais possuem 65,62% dos genes do Charolês, enquanto que nos animais Canchim obtidos pelos outros sistemas de acasalamento o máximo de percentagem de Charolês é de 64,84%, o que pode ter contribuído para o melhor desenvolvimento dos animais MA. Além disto, os animais MA possuem 68,75% de heterozigose, enquanto que os animais Canchim possuem menos de 50,00% de heterozigose, o que também pode ter contribuído para o melhor desempenho dos animais MA. Trematore et al. (1998) observaram efeito aditivo direto da raça Charolesa em relação à raça Nelore e efeito heterótico individual das raças Charolesa e Nelore positivos para o peso à desmama de animais criados em pastagens. Brito et al. (2001) verificaram efeito significativo da heterozigose individual sobre a AOL de animais Hereford e Braford, contudo este efeito somente foi significativo para EGS na presença da heterozigose materna no modelo.

Quanto aos efeitos de rebanho, diferenças de manejo e mesmo genéticas podem ser responsáveis pelas diferenças de desempenho. Yokoo et al. (2007) também verificaram efeito significativo de rebanho sobre AOL e EGS em animais da raça Nelore.

Os coeficientes de regressão linear observado no presente estudo de EGS ($0,0023 \pm 0,0004$ mm), AOL ($0,030 \pm 0,005$ cm²) e Peso ($0,37 \pm 0,03$ kg) sobre a idade do animal, indicam que quanto mais velho é o animal maior serão a espessura de

gordura, a área de olho de lombo e o peso. Yokoo et al. (2007) verificaram efeitos linear e quadrático significativos de idade do animal sobre AOL e EGS em animais da raça Nelore, enquanto que Brito et al. (2001) observaram este efeito apenas para AOL, em animais Nelore e para AOL e EGS, em animais Hereford e Braford. Neste trabalho, o efeito quadrático de idade não foi significativo para as três características estudadas, portanto, foi retirado do modelo.

As estimativas dos componentes de variância e das herdabilidades das características EGS, AOL e Peso, obtidas pelas análises unicaracterísticas, são apresentadas na Tabela 4.

Tabela 4. Estimativas dos componentes de variância aditiva direta (σ_a^2) e variância residual (σ_e^2) e da herdabilidade (h^2) da espessura de gordura subcutânea (EGS), da área de olho de lombo (AOL) e do peso, obtidas das análises unicaracterísticas.

Característica	Estimativa		
	σ_a^2	σ_e^2	h^2
EGS	0,065	0,210	0,24 ± 0,09
AOL	13,730	28,010	0,33 ± 0,09
Peso	290,980	983,740	0,23 ± 0,09

As estimativas de herdabilidade das características estudadas foram moderadas, indicando que devem responder à seleção. A estimativa de herdabilidade encontrada para EGS (0,24) foi inferior às obtidas por Reverter et al. (2000) (0,51) e Kemp et al. (2002) (0,39), na raça Angus, e Crews et al. (2003) (0,53), em touros Simental, todos trabalhando com animais criados em regime de confinamento. Yokoo et al. (2005b) (0,52), na raça Nelore, e Lima Neto et al. (2007) (0,32), na raça Guzerá, encontraram também estimativas de herdabilidade para espessura de gordura subcutânea superiores, mas com animais em regime de pastagem e semi-confinados. Por outro lado, Stelzleni et al. (2002), na raça Brangus, estimaram o valor de herdabilidade de 0,26 para a EGS de animais confinados, bem próximo ao valor (0,24) estimado neste trabalho, Reverter et al. (2000) estimaram o valor de 0,18, na raça Hereford, enquanto

que Figueiredo et al. (2002), na raça Nelore, estimaram valor de herdabilidade próximo de zero (0,04).

Valores semelhantes à estimativa de herdabilidade obtida neste trabalho para AOL (0,33) foram reportados por diversos autores, tais como, Moser et al. (1998) (0,29) e Stelzleni et al. (2002) (0,31), na raça Brangus, Reverter et al. (2000) (0,38), na raça Hereford, Kemp et al. (2002) (0,29) e Davis et al. (2003) (0,31), na raça Angus, Crews et al. (2003) (0,37), em touros Simental, Yokoo et al. (2006) (0,35), na raça Nelore, e Lima Neto et al. (2007) (0,34), na raça Guzerá. Figueiredo et al. (2002) e Yokoo et al. (2007), entretanto, estimaram, respectivamente, valores menor (0,20) e maior (0,43) do que o obtido neste trabalho para a raça Nelore, enquanto que Reverter et al. (2000) estimaram o valor de 0,42 para animais Angus.

A estimativa de herdabilidade obtida para Peso na data do ultra-som (0,23) foi inferior aos valores encontrados por Alencar et al. (1993) (0,41) e Mascioli et al. (1996) (0,54), para a raça Canchim ao sobreano, por Yokoo (2005) (0,66), para a raça Nelore, e por Lima Neto et al. (2007) (0,41), para a raça Guzerá.

As estimativas de herdabilidade de EGS e de AOL obtidas das análises uni e bicaracterísticas para cada sexo separadamente são apresentadas na Tabela 5. As estimativas de herdabilidade de EGS foram iguais a $0,02 \pm 0,10$ e $0,33 \pm 0,13$ para machos e fêmeas, respectivamente, indicando que existe variação genética aditiva na característica quando medida nas fêmeas. Apesar de o sexo do animal não ter influenciado a EGS (Tabela 2), é possível que a maior herdabilidade à idade de cerca de 18 meses para as fêmeas, seja reflexo da maior precocidade na deposição de gordura pelos animais desse sexo. Na raça Hereford, em idade próxima aos 16 meses, Reverter et al. (2000) obtiveram, respectivamente, os valores para herdabilidade de 0,09 e 0,27 para a espessura de gordura de touros e novilhas medidas por ultra-som, enquanto que na raça Angus as estimativas foram, na mesma ordem, de 0,47 e 0,54. Hassen et al. (1998), em animais cruzados confinados logo após a desmama e abatidos próximo aos 15 meses de idade, estimaram os valores de 0,05 e 0,42 para a herdabilidade da espessura de gordura na carcaça de touros e novilhos, respectivamente. Crews et al. (2003) reportaram valores de herdabilidade iguais a 0,53

e 0,69 para a espessura de gordura subcutânea de touros e novilhas da raça Simental, medida por ultra-som aos 12 meses de idade, respectivamente. Meyer et al. (2004), em bovinos da raça Hereford e Polled Hereford, obtiveram herdabilidades iguais a 0,32 para espessura de gordura subcutânea medida por ultra-som aos 17 meses de idade, para os dois sexos.

Tabela 5. Estimativas de herdabilidade da espessura de gordura subcutânea (EGS) e da área de olho de lombo (AOL) para cada sexo, obtidas de análises uni e bicaracterísticas.

Característica	Análises unicaracterísticas		Análise bicaracterísticas	
	Machos	Fêmeas	Machos	Fêmeas
EGS	0,02 ± 0,10	0,33 ± 0,13	0,06	0,35
AOL	0,36 ± 0,17	0,25 ± 0,13	0,41	0,24

As estimativas de herdabilidade de AOL foram iguais a 0,36 e 0,25 para machos e fêmeas, respectivamente (Tabela 5), indicando a existência de variação genética aditiva suficiente para se obter resposta à seleção em ambos os sexos. Reverter et al. (2000) reportaram herdabilidades de 0,37 e 0,46 para a área de olho de lombo medida em touros e novilhas da raça Angus, respectivamente, e, na mesma ordem, 0,41 e 0,34, para animais Hereford. Hassen et al. (1998) obtiveram herdabilidades de 0,21 e 0,07 para a área de olho de lombo na carcaça de touros e novilhos cruzados terminados em confinamento aos 15 meses de idade. Crews et al. (2003), em gado Simental, estimaram os valores de 0,37 e 0,51 para a área de olho de lombo medida por ultra-som em touros e novilhas, respectivamente. Meyer et al. (2004), em bovinos da raça Hereford e Polled Hereford, obtiveram herdabilidades de 0,26 e 0,27 para área de olho de lombo medida por ultra-som aos 17 meses de idade, para touros e novilhas, respectivamente.

As estimativas de herdabilidade de EGS e AOL obtidas pelas análises bicaracterísticas para touros e novilhas foram muito semelhantes às obtidas pelas análises unicaracterísticas (Tabela 5). As correlações genéticas para EGS e AOL medidas nos touros e nas novilhas foram iguais a 0,98 e 1,00, respectivamente,

indicando que as características são controladas pelo mesmo conjunto de genes de ação aditiva nos touros e nas novilhas. Crews et al. (2003), em bovinos Simental, estimaram correlações genéticas de 0,67 e 0,85 entre touros e novilhas para EGS e AOL medidos por ultra-som aos 12 meses de idade, respectivamente, valores inferiores aos obtidos neste trabalho. Reverter et al. (2000) reportaram correlações genéticas entre EGS e AOL em touros e novilhas iguais a 0,70 e 0,80 para animais Angus e 0,67 e 0,68 para animais Hereford, respectivamente, valores também inferiores aos obtidos neste trabalho.

As estimativas dos componentes de (co) variância e da correlação genética entre as características estudadas são apresentadas na Tabela 6. As estimativas de herdabilidade estimadas pelas análises bicaracterísticas foram muito semelhantes àquelas obtidas pelas análises unicaracterísticas para todas as três características estudadas.

Tabela 6. Estimativas dos componentes de (co)variância aditiva direta (σ_a^2 e σ_{a1a2}) e residual (σ_e^2 e σ_{e1e2}) e das correlações genética (r_g) e residual (r_e) da espessura de gordura (EGS), da área de olho de lombo (AOL) e do peso, obtidas das análises bicaracterísticas.

Caract.		Estimativas							
1	2	σ_{a1}^2	σ_{a2}^2	σ_{a1a2}	σ_{e1}^2	σ_{e2}^2	σ_{e1e2}	r_g	r_e
EGS	AOL	0,06	13,82	0,20	0,21	27,93	0,27	0,21 ± 0,24	0,11 ± 0,09
EGS	Peso	0,06	291,82	2,44	0,21	982,93	1,46	0,57 ± 0,23	0,10 ± 0,08
AOL	Peso	13,09	293,65	38,54	28,57	981,43	89,56	0,62 ± 0,16	0,53 ± 0,06

A correlação genética entre EGS e AOL estimada neste trabalho é de baixa magnitude sugerindo que as duas características são determinadas por diferentes conjuntos de genes de ação aditiva. Vários autores também reportaram baixas estimativas de correlação genética entre essas características em bovinos de raças taurinas, zebuínas e sintética. Arnold et al. (1991) e Kemp et al. (2002) estimaram os valores de 0,39 e 0,23, para as raças Hereford e Angus, respectivamente, enquanto Reverter et al. (2000) estimaram os seguintes valores: 0,08 para novilhas Angus, 0,28 para novilhas Hereford, -0,04 para touros Angus e -0,29 para touros Hereford. Stelzleni

et al. (2002) estimaram o valor de -0,09 para animais Brangus e Yokoo et al. (2006) reportaram o valor de 0,06 para a raça Nelore. A estimativa de correlação genética obtida neste trabalho indica que a seleção para qualquer uma das duas características não deve resultar em mudanças na outra, ou seja, pode-se selecionar para aumentar uma e selecionar para reduzir a outra, ou para aumentar ou reduzir as duas.

As correlações genéticas estimadas entre peso e as características de carcaça foram de magnitudes moderadas, concordando com o estudo de Stelzleni et al. (2002), os quais estimaram os valores de 0,44 e 0,42 para as correlações de peso com AOL e EGS, respectivamente. Estas estimativas indicam que a seleção para aumento de peso deverá também resultar em aumentos em EGS e AOL ou vice versa. A correlação genética estimada entre EGS e Peso é maior do que as reportadas em outros estudos como os de Moser et al. (1998) e Yokoo et al. (2006), que obtiveram correlações genéticas iguais a 0,11 e 0,19, respectivamente. No entanto a correlação genética estimada entre AOL e Peso foi semelhante à observada por Yokoo et al. (2006) (0,58).

Quando o peso foi incluído no modelo estatístico das análises unicaracterísticas de EGS e AOL, as herdabilidades estimadas para essas características foram, respectivamente, iguais a $0,19 \pm 0,08$ e $0,29 \pm 0,10$, ligeiramente inferiores aos valores obtidos sem a inclusão dessa covariável (Tabela 4), apesar das moderadas correlações genéticas de peso com EGS e AOL.

Conclusões

Em rebanhos da raça Canchim, os efeitos de ano de nascimento, rebanho, sexo, grupo genético e idade devem ser considerados por ocasião da obtenção de estimativas de parâmetros genéticos da área de olho de lombo e da espessura de gordura subcutânea.

As características de carcaça área de olho de lombo e espessura de gordura subcutânea, mensuradas por ultra-som ao sobreano, devem responder à seleção nos rebanhos estudados.

A seleção para peso ao sobreano deve resultar em mudanças correlacionadas na área de olho de lombo e na espessura de gordura subcutânea.

REFERÊNCIAS

ALENCAR, M. M., BARBOSA, P. F., BARBOSA, R. T., VIEIRA, R. C. Parâmetros genéticos para peso e circunferência escrotal em touros da raça Canchim. **Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 22, n. 4, p. 572-583, 1993.

ARNOLD, J. W., BERTRAND, J. K., BENYSHEK, L. L., LUDWIG, C. Estimates of genetic parameters for live animal ultrasound, actual carcass data, and growth traits in beef cattle. **Journal of Animal Science**, Savoy, v. 69, p. 985-992, 1991.

BOLDMAN, K. G., KRIESE, L. A., VAN VLECK, L. D., VAN TASSELL, C. P., KACHMAN, S. D. **A manual for use of MTDFREML**. A set of programs to obtain estimates of variances and covariances [DRAFT]. U. S. Department of Agriculture, Agricultural Research Service, Lincoln, NE, , 1995, 120 p

BRITO, F. V., TAROUCO, J. U., CARDOSO, L. L. Estudo de efeitos que afetam as medidas de área de olho de lombo e espessura de gordura subcutânea obtidas por ultra-som em diferentes tipos biológicos de bovinos. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 38., 2001, Piracicaba, SP. **Anais...** Piracicaba: SBZ, 2001. 1CD-ROM

BURROW, H. M., GULBRANSEN, B., JOHNSON, S. K., DAVIS, G. P., SHORTHOSE, W. R., ELLIOT, R. F. Consequences of selection for growth and heat resistance on growth feed conversion efficiency commercial carcass traits and meat quality of Zebu crossbred cattle. **Australian Journal Agriculture Research**, Collingwood, v. 42, p. 1373-1383. 1991.

CREWS JR, D. H., POLLAK, E. J., WEABER, R. L., QUAAS, R. L., LIPSEY, R. J. Genetic parameters for carcass traits and their live animal indicators in Simmental cattle. **Journal of Animal Science**, Savoy, v. 81, p. 1427-1433, 2003.

DAVIS, M. E., BOYLES, S. L., MOELLER, S. J., SIMMEN, R. C. M. Genetic parameter estimates for serum insulin-like growth factor-I concentration and ultrasound measurements of backfat thickness and longissimus muscle area in Angus beef cattle. **Journal of Animal Science**, Savoy, v. 81, p. 2164-2170, 2003.

FELÍCIO, P.E. Carne de touro jovem. In: Seminário e Workshop, Preservação e Acondicionamento da carne bovina in natura, 1997, Campinas-SP. P.27-34.

FERREIRA, J. J., BRONDANI, I. L., LEITE, D. T., RESTLE, J., FILHO, D. C. A., MISSIO, R. L., HECK, I., SEGABINAZZI, L. R. Características da carcaça de tourinhos Charolês e mestiços Charolês x Nelore terminados em confinamento. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 36, p. 191-196, 2006.

FIGUEIREDO, L. G. G. **Estimativas de parâmetros genéticos de características de carcaças feitas por ultra-sonografia em bovinos da raça Nelore**. Pirassununga, 2001. 67p. Dissertação de mestrado - Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, 2001.

FIGUEIREDO, L. G. G., ELER, J. P., FERRAZ, J. B. S., OLIVEIRA, F. F., SHIMBO, M. V., JUBILEU, J. S. Componentes de variância para área de olho de lombo e espessura de gordura subcutânea. In: SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 3., Pirassununga, SP. **Anais...** Pirassununga: SBMA, 2002. 1 CD-ROM.

HASSEN, A., WILSON, D. E., ROUSE, G. H. Evaluation of Carcass, Live, and Real-Time Ultrasound Measures in Feedlot Cattle: I. Assessment of Sex and Breed Effects. **Journal of Animal Science**, Savoy, v. 76, p. 273-282, 1998.

KARSBURG, J. H., FERRAZ, J. B. S., MOURÃO, G. B., FIGUEIREDO, L. G. G., MATTOS, E. C., ELER, J. P. Estimação de componentes de variância e parâmetros genéticos para características de crescimento e de carcaça em bovinos da raça Santa Gertrudes. In: SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 5., 2004, Pirassununga, SP. **Anais...** Pirassununga: SBMA, 2004. 1 CD-ROM.

KEMP, D. J., HERRING, W. O., KAISER, C. J. Genetic and environmental parameters for steer ultrasound and carcass traits. **Journal of Animal Science**, Savoy, v. 80, p. 1489-1496, 2002.

LAWRIE, R. A. **Meat Science**. 50 ed. 1991, 293 p.

LIMA NETO, H. R., BERGMANN, J. A. G., GONÇALVES, T. M., LÔBO, R. B., ARAÚJO, F. R. C., MAFFEI, W. E., VENTURA, R. V., FERREIRA, I. C., FRIDRICH, A. B., CORRÊA, G. S. S. Estimativas de herdabilidades e correlações genéticas para características de carcaça em animais da raça Guzerá. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE ZOOTECNIA, 17., 2007, Londrina, PR. **Anais...** Londrina, 2007. 1 CD-ROM

LUCHIARI FILHO, A. **Pecuária da carne bovina**. 1 ed. São Paulo, 2000. 134 p.

MAGNABOSCO, C. U., ARAUJO, F. R. C., MANICARDI, F., SAINZ, R. D., REYES, A. L. Padrões de crescimento e características de carcaça de tourinhos nelore mocho, avaliados por ultra-sonografia em tempo real. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 40., 2003, Santa Maria, RS. **Anais...** Santa Maria: SBZ, 2003. 1CD-ROM

MASCIOLI, A. S., ALENCAR, M. M., BARBOSA, P. F., NOVAES, A. P., OLIVEIRA, M. C. S. Estimativas de parâmetros genéticos e proposição de critérios de seleção para pesos na raça Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 25, n. 1, p. 72-82, 1996.

MEYER, K., JOHNTON, D. J., GRASER, H.U. Estimates of the complete genetic covariance matrix for traits in multi-trait genetic evaluation of Australian Hereford cattle. **Australian Journal of Agricultural Research**, Collingwood, v. 55, p. 195-210, 2004.

MOSER, D. W., BERTRAND, J. K., MISZTAL, I., KRIESE, L. A., BENYSHEK, L. L. Genetic parameters for carcass and yearling ultrasound measurements in Brangus cattle. **Journal of Animal Science**, Savoy, v. 76, p. 2542-2548, 1998.

REVERTER, A., JOHNSTON, D. J., GRASER, H. U., WOLCOTT, M. L., UPTON, W. H. Genetic analyses of live animal ultrasound and abattoir carcass traits in Australian Angus and Hereford cattle. **Journal of Animal Science**, Savoy, v. 78, p. 1786-1795, 2000.

STELZLENI, A. M., PERKINS, T. L., BROWN JR, A. H., POHLMAN, F. W., JOHNSON, Z. B., SANDELIN, B. A. Genetic parameter estimates of yearling live animal ultrasonic measurements in Brangus cattle. **Journal of Animal Science**, Savoy, v. 80, p. 3150-3153, 2002.

TREMATORE, R. L., ALENCAR, M. M., BARBOSA, P. F., OLIVEIRA, J. A. L., ALMEIDA, M. A. Estimativas de efeitos aditivos e heteróticos para características de crescimento pré-desmama em bovinos Charolês - Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 27, n. 01, p. 87-94, 1998.

TURNER, J. W., PELTON, L. S., CROSS, H. R. Using live animal ultrasound measures of ribeye area and fat thickness in yearling Hereford bulls. **Texas Agricultural Experiment Station**, Texas A&M University, College Station, Texas. 1990.

YOKOO, M. J., ALBUQUERQUE, L. G., SAINZ, R. D., LOBO, R. B., ARAUJO, F. R. C., BEZERRA, L. A. F., SILVA, J. A. V. Fatores genéticos e ambientais que afetam as características da área de olho de lombo e a espessura de gordura medidas por ultrasonografia em bovinos da raça Nelore (*Bos Indicus*). In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 42., 2005, Goiânia, GO. **Anais...** Goiânia: SBZ, 2005a. 1 CD-ROM.

YOKOO, M. J., ALBUQUERQUE, L. G., LOBO, R. B., ARAUJO, F. R. C., SAINZ, R. D., KOURY FILHO, W., SIQUEIRA, R. L. P. G. Estimativas de parâmetros genéticos para as características de carcaça em bovinos Nelore. In: REUNIÓN DE LA ASOCIACIÓN LATINOAMERICANA, 19., 2005, Tampico. **Anais...** Tampico: ALPA, 2005b. 1 CD-ROM.

YOKOO, M. J. **Estimativas de efeitos genéticos e ambientais para características de carcaça medidas pelo ultra-som em bovinos da raça Nelore**. 2005. Jaboticabal, 2005. 89p. Dissertação de mestrado - Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista.

YOKOO, M. J., ALBUQUERQUE, L. G., BIGNARDI, A. B., PEREIRA, M. C., SAINZ, R. D., LOBO, R. B., PEREIRA, C. S., BEZERRA, L. A. F., ARAUJO, F. R. C. Estimates of genetic correlations between carcass and growth traits and scrotal circumference in Nelore cattle. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 8., 2006, Belo Horizonte. **Proceedings...** Belo Horizonte, 2006. 1 CD-ROM.

YOKOO, M. J., ALBUQUERQUE, L. G., LOBO, R. B., MAGNABOSCO, C. U., SAINZ, R. D., ARAUJO, F. R. C. Estimativas de efeitos genéticos e ambientais que afetam as características de carcaça medidas pela ultra-sonografia aos 13 meses de idade, em rebanhos Nelore. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 44., 2007, Jaboticabal, SP. **Anais...** Jaboticabal: SBZ, 2007. 1 CD-ROM.

CAPÍTULO 3 – EFEITO DE MARCADORES MOLECULARES SOBRE CARACTERÍSTICAS DE CARÇA EM BOVINOS DA RAÇA CANCHIM

RESUMO - Para que a genética molecular possa ser incorporada aos programas de melhoramento de bovinos de corte, é essencial que se realizem estudos da associação entre marcadores moleculares e características de produção na população em que se deseja utilizá-los, de maneira a se definirem estratégias de seleção assistida por marcadores. Neste trabalho, o objetivo foi estudar os efeitos de marcadores moleculares sobre as características espessura de gordura subcutânea (EGS) e área de olho de lombo (AOL) em bovinos da raça Canchim (5/8 Charolês + 3/8 zebu) e do grupo MA (filhos de touros Charolês e vacas 1/2 Canchim + 1/2 zebu), nascidos de 2003 a 2005 e criados em pastagens. As medidas das características de carcaça foram tomadas em março e abril, quando os animais tinham, em média, 18 meses de idade. Foram estudadas os efeitos dos marcadores BMS490 e ETH10 do cromossomo 5, INRA133 e ILSTS090 do cromossomo 6 e BMS2142 do cromossomo 19, por meio de um modelo misto, utilizando o método de máxima verossimilhança restrita. O modelo estatístico incluiu os efeitos fixos de grupo de contemporâneos (ano de nascimento, rebanho, sexo e grupo genético), idade do animal (covariável, efeito linear) e genótipo do marcador, além dos efeitos aleatórios aditivo direto e residual. Não foi verificado efeito dos marcadores sobre EGS, mas houve efeito do marcador BMS490 sobre AOL, sugerindo a existência de pelo menos um QTL para AOL nesta região.

PALAVRAS-CHAVE: área de olho de lombo, espessura de gordura subcutânea, marcador molecular

EFFECT OF GENETIC MARKERS ON CARCASS TRAITS IN CANCHIM CATTLE

ABSTRACT – To incorporate molecular genetics on beef cattle breeding programs, it is essential to study the association between genetic markers and production traits in the populations under selection to define marker assisted selection strategies. The objective in this study was to study the effect of molecular markers on backfat thickness (BFT) and ribeye area (RAE) in Canchim (5/8 Charolais + 3/8 zebu) and MA (offspring of Charolais bulls and 1/2 Canchim + 1/2 Zebu cows) bulls and heifers, borned from 2003 to 2005 and raised on pastures. The traits were measured in animals from seven herds of the states of São Paulo and Goiás in March and April when the animals were, on the average, 18 months of age. Five molecular markers (BMS490 and ETH10 in chromosome 5, INRA133 and ILSTS090 in chromosome 6 and BMS2142 in chromosome 19) were studied, with an animal model using the restricted maximum likelihood method. The statistical model included the fixed effects of contemporary group (year of birth, herd, sex and genetic group), age of the animal (covariate, linear effect) and genotype for the marker, besides the additive direct and the residual random effects. No significant effect of the genetic markers on BFT was observed, but there was a significant effect of BMS490 on RAE, indicating that at least one QTL affecting growth of the animal may exist in this region

KEY WORDS: backfat thickness, molecular marker, rib eye area

Introdução

A nova tendência mundial na indústria de gado de corte é a obtenção de um produto final de qualidade e padronizado. A comercialização de animais e de suas carcaças dentro de determinadas especificações de mercado está pressionando o setor produtivo para que apresente informações do mérito genético dos animais para características de carcaça.

O conhecimento da condição corporal (deposição de gordura subcutânea) e do desenvolvimento muscular dos animais, ou da composição corporal, na forma de porcentagem dos constituintes da carcaça (músculo, osso e gordura), é muito importante para avaliação de grupos genéticos e tratamentos nutricionais que envolvem o crescimento animal e a determinação de exigências nutricionais (LUCHIARI FILHO, 2000). No entanto, a determinação da composição corporal é bastante trabalhosa e de custo elevado (GALVÃO et al., 1991).

A técnica de ultra-sonografia é uma alternativa para predição “in vivo” das características da carcaça. O monitoramento de características como área de olho de lombo (AOL) e espessura de gordura subcutânea (EGS), além de auxiliar na escolha dos animais para o abate, fornece informações úteis para incorporação em modelos de crescimento e seleção animal (ARNOLD et al., 1991; HAMLIN et al., 1995).

No Brasil, a seleção em bovinos de corte vem sendo realizada com base em estimativas de diferenças esperadas nas progênies (DEP). Os caracteres de interesse econômico são em geral quantitativos, controlados por muitos genes e influenciados pelo ambiente. Entretanto, diversos estudos têm demonstrado a possibilidade de mapear os genes ou conjuntos de genes que influenciam uma característica quantitativa, denominados QTL (locos para característica quantitativa), possibilitando o uso dessas informações adicionais nos programas de melhoramento genético de bovinos de corte, principalmente para características difíceis de serem medidas ou de baixa herdabilidade, como características de carcaça e da carne, de resistência a parasitas e ligadas à eficiência reprodutiva.

No genoma de qualquer espécie existem milhares de genes, sendo a maioria de função desconhecida até o presente. Nesse contexto, para muitas das associações entre marcadores e características fenotípicas não há informação sobre os genes e vias metabólicas envolvidas. Na ausência de informações sobre os mecanismos biológicos envolvidos, a validação dessas associações nas populações de melhoramento é fundamental. Neste trabalho propôs-se avaliar, para a raça Canchim, efeitos de marcadores moleculares do genoma bovino relatadas em outras populações (TAYLOR et al., 1998; CASAS et al., 2000 e 2003; LI et al., 2004) sobre a espessura de gordura subcutânea (EGS) e a área de olho de lombo (AOL).

Material e Métodos

- Animais

Foram utilizados 987 animais, machos e fêmeas, da raça Canchim e do grupo MA (filhos de touros Charolês e vacas 1/2 Canchim + 1/2 zebu), nascidos em 2003, 2004 e 2005, criados em pastagens em sete fazendas de dois estados do Brasil (SP e GO). Os animais nascidos em 2003 e 2004 pertenciam apenas a duas fazendas.

- Obtenção da espessura de gordura subcutânea e da área de olho de lombo

Em 2005 e 2006 as medições foram realizadas utilizando-se um aparelho Piomedical Scanner 200 Vet com transdutor linear de 18 cm e 3,5 MHz, enquanto que em 2007 utilizou-se um aparelho ALOKA 500V, com sonda linear de 17,2 cm e 3,5 MHz. As medidas de ultra-som foram tomadas em março e abril de cada ano, quando os animais tinham de 16 a 22 meses de idade, dentro do sugerido por Magnabosco et al. (2003). Nesta mesma data foram também obtidos os pesos (kg) dos animais.

Para a coleta das imagens, utilizou-se óleo vegetal no local da medição, para garantir o contato acústico entre a sonda linear e o corpo do animal. As medidas de

EGS e AOL foram coletadas transversalmente no músculo *Longissimus dorsi* na região entre a 12^a e 13^a costelas e foram expressas em milímetros (mm) e centímetros quadrados (cm²), respectivamente.

- Amostras de sangue e de sêmen

Amostras de aproximadamente 5 mL de sangue foram coletadas em tubos vacutainer com 50µL EDTA (K₃) a 15% e mantidas em geladeira até o momento da extração do DNA.

As fazendas disponibilizaram palhetas de sêmen dos touros, que foram mantidas em freezer até o momento da extração do DNA.

As amostras de sangue foram utilizadas nas análises de influência dos marcadores sobre as características em estudo e o sêmen foi usado para a confirmação da paternidade dos animais das famílias de meio-irmãos.

- Extração de DNA de sangue

O DNA foi extraído de amostras de sangue, conforme protocolo descrito em Regitano et al. (2001). As células vermelhas do sangue foram gradualmente desintegradas em tampão apropriado (Tris-HCl 10 mM pH 7,6, MgCl₂ 5 mM, NaCl 10 mM), e o resíduo celular peletizado por centrifugação (700g, 10 minutos). Este processo de desintegração foi repetido até que um precipitado branco fosse obtido.

As células brancas do sangue foram ressuspendidas em uma solução que continha 500 µL de Tris-HCl 10 mM pH 8,0, EDTA 10 mM pH 8,0, NaCl 100 mM, 0,5% SDS, com 2 µg de proteinase K e então incubadas a 55°C por 4 horas ou “overnight”, até que o pellet fosse dissolvido.

Após a incubação foram adicionados 240 µL NaCl 5M e 210 µL de TE (Tris HCl 10 mM pH 7,6 + EDTA 1 mM pH 8,0) e então os tubos foram agitados por inversão até formar pequenos coágulos de proteína, incubados em gelo por 15 minutos e centrifugado por 15 minutos a 16.000 g, para promover a precipitação das proteínas.

O sobrenadante contendo o DNA foi recuperado e este foi precipitado pela adição de 2 volumes de etanol absoluto gelado (1 mL). Logo em seguida foi lavado com etanol 70% gelado (500 μ L) e depois secado ao ambiente. Posteriormente, o precipitado foi dissolvido em 250 μ L de solução TE + RNase (10 μ g por mL de amostra) e incubado por uma hora a 37°C. Em seguida as amostras foram armazenadas em freezer.

- Extração de DNA de sêmen

As palhetas de sêmen foram descongeladas em microtubos de 1,5 mL, centrifugadas por 8 minutos a 5.000 g e os sobrenadantes foram descartados. As células sedimentadas de cada amostra foram lavadas quatro vezes em 1 mL de solução PBS 1X (KCl 2,7 mM; KH_2PO_4 1,5 mM; NaCl 137 mM; Na_2HPO_4 8 mM; pH 7,0). A seguir, o sedimento foi ressuscitado em 100 μ L de PBS 1X e adicionou-se 400 μ L de solução de lise (2-mercaptoetanol 2%, Tris.HCl pH 8.0 10 mM, NaCl 100 mM, EDTA pH 8.0 10 mM; SDS 0,5%). Incubou-se por 30 minutos a 50°C. Foi adicionada Proteinase K (200 μ g/mL) e as amostras foram vortexadas e incubadas por 16 horas a 50°C.

Para a precipitação das proteínas com sal foram adicionados 90 μ L de TE e 160 μ L de NaCl 5 M. Os tubos foram agitados por inversão, incubados em gelo por 15 minutos e centrifugados a 16.000 g por 5 minutos. O sobrenadante foi transferido para tubos limpos, acrescentou-se 1 mL de etanol absoluto gelado a cada tubo, os quais foram agitados por inversão e centrifugados a 16.000 g por 5 minutos. O sobrenadante foi desprezado, o sedimento foi lavado com etanol 70% gelado e centrifugado a 16.000 g por 5 minutos. O sobrenadante foi desprezado, secou-se o sedimento, ressuscitou-se em 100 μ L de TE + RNase e incubou-se por 1 hora a 37°C. As amostras foram armazenadas em freezer.

- Quantificação do DNA

A quantificação foi realizada por espectrofotometria. Os ácidos nucleicos absorvem luz no comprimento de onda de 260 nm. Para estimar a concentração de DNA utilizou-se a seguinte relação: $1 A_{260} = 50 \mu\text{g/mL}$ DNA dupla-hélice. Dessa forma, a concentração de DNA na amostra é obtida pelo seguinte cálculo:

$$[\text{DNA}] (\mu\text{g/mL}) = \text{Valor da leitura em } A_{260} \times 50 \times \text{Fator de diluição}$$

As proteínas absorvem luz no comprimento de onda de 280 nm. Sendo assim, a relação A_{260}/A_{280} fornece um parâmetro de avaliação da qualidade das preparações de ácidos nucleicos. Valores inferiores a 1,8 resultam de contaminação com proteína (REGITANO et al., 2001).

Após a quantificação, as amostras foram diluídas em água para se obter uma concentração final de $40 \text{ ng}/\mu\text{L}$ e conservadas em freezer - 30°C .

- Amplificação dos marcadores microssatélites

Todos os animais (touros e progênes) foram genotipados para cinco marcadores microssatélites.

No cromossomo cinco, os dois marcadores, BMS490 e ETH10, localizam-se a 66,207 cM e 71,764 cM, respectivamente, no cromossomo seis, o INRA133 e o ILSTS090 localizam-se a 8,053 cM e 15,362 cM, respectivamente e no cromossomo 19 o marcador BMS2142 localiza-se a 43,319 cM. Estes marcadores e estas regiões foram escolhidos com base em estudos de associação com deposição de gordura realizados em outros países (TAYLOR et al., 1998; CASAS et al., 2000 e 2003; LI et al., 2004).

As seqüências dos *primers* referentes aos marcadores utilizados encontram-se na Tabela 1 como descritas na base de dados do Meat Animal Research Center (MARC) (<http://www.marc.usda.gov>).

As seqüências dos microssatélites foram amplificadas por PCR em reações que constaram basicamente de 40 ng de DNA genômico; KCl 50 mM , MgCl_2 $1,5 \text{ mM}$, Tris-

HCl 10 mM pH 8,4, 0,2 mM de cada dNTP, 0,25 unidade de *Taq* polimerase, 0,5 μ M de cada primer, num volume total de 12,5 μ L.

Tabela 1. Seqüências dos primers utilizados nos cromossomos 5, 6 e 19 de bovinos.

Marcadores Moleculares	Seqüência "Forward"	Seqüência "Reverse"
BMS490	TCACCAGGAAAGTCTCTATTTGG	ATATGCATCAACTCACACTGCC
ETH10	G TTCAGGACTGGCCCTGCTAACA	CCTCCAGCCCACCTTTCTCTTCTC
INRA133	ATCCTCAAAGCAACCTGGC	GAATCTTCTCCCCCTGCATC
ILSTS090	TAGTACCATACCCAGGTAGG	GCCAAAACACACAAGTGTGC
BMS2142	AAGCAGGTTGATGATCTTACCC	GTCGGCACTGAAAATGATTATG

O oligonucleotídeo complementar à fita anti-senso, denominado *primer forward*, foi marcado na extremidade 5' com fluoróforo, de modo a ser detectado por leitura a laser. As amplificações foram realizadas em aparelho termociclador modelo Mastercycle Gradient (Eppendorf), com a temperatura de 58°C na fase de anelamento para todos os *primers*.

As reações de amplificação para todos os marcadores microssatélites constaram de desnaturação inicial a 94°C por três minutos, seguida de 28 ciclos de desnaturação a 94°C por 30 segundos, anelamento a 58°C por 30 segundos, e extensão a 72°C por 30 segundos. Após os 28 ciclos, o produto amplificado foi submetido à extensão final por 45 minutos.

- *Análise dos genótipos*

Ao final das amplificações, os produtos foram analisados em um seqüenciador capilar modelo ABI 3100 Avant (Applied Biosystems).

Os genótipos foram determinados com a utilização dos programas GeneScan (versão 3.7.1) e Genotyper (versão 3.7). O programa GeneScan realiza a leitura dos

eletroferogramas identificando a amplificação dos alelos por meio da altura dos picos detectados e o tamanho desses alelos em pares de bases. Por outro lado, o programa Genotyper indica quais são os alelos presentes nas amostras por meio de uma pré-definição dos alelos presentes na população, fornecendo uma tabela com o número do animal e o seu respectivo genótipo.

- Estudo do equilíbrio de Hardy-Weinberg

Os desvios das frequências observadas em relação às esperadas para o equilíbrio de Hardy-Weinberg foram analisadas pelo teste de probabilidade, de acordo com Raymond & Rousset (1995).

Foi considerada a população como um todo, quanto ao teste de aderência, utilizando os dados genotípicos para os cinco marcadores genéticos (BMS490, ETH10, ILSTS090, INRA133 e BMS2142). A hipótese nula (H_0) para o teste baseia-se na união aleatória dos gametas, conforme Guo & Thompson (1992) (*Genepop* 3.4). Também aplicou-se o teste para os dois rebanhos em que foram coletados dados nos três anos, dividindo-se em quatro populações de acordo com o grupo genético (1 - Canchim Embrapa; 2 - MA Embrapa; 3 - Canchim Santa Helena e 4 - MA Santa Helena).

- Estudo de diferenciação genética entre as populações

Para este estudo de diferenciação genética foram considerados somente os dois rebanhos onde foram coletados dados nos três anos (Embrapa e Santa Helena), por possuírem um número considerável de medidas. Dentro desses rebanhos foram considerados os grupos genéticos Canchim e MA, obtendo-se assim quatro populações:

1 - Canchim Embrapa; 2 - MA Embrapa; 3 - Canchim Santa Helena e 4 - MA Santa Helena.

O software GENEPOP analisa cada loco para um grupo de populações e testa as diferenças de acordo com a hipótese nula (H_0): distribuição alélica é idêntica entre as populações. Os cinco locos foram testados em relação às quatro populações estudadas, duas a duas. Para cada loco, uma estimativa imparcial do valor de P do teste de probabilidade é executada, como descrito por Raymond & Rousset (1995). Este teste de probabilidade prediz um valor estatístico de probabilidade combinando, no caso, o loco e as quatro populações testadas, por meio de um teste de independência (qui-quadrado).

- Desequilíbrio de ligação genotípico

Para se avaliar a condição de desequilíbrio de ligação foram feitas tabelas de contingência para cada par de locos, utilizando-se o Teste Exato de Fisher para estimar se os genótipos de um loco foram independentes dos genótipos do outro loco em termos de frequência de ocorrência. Foram estudados o desequilíbrio entre os marcadores BMS490 e ETH10, e ILSTS090 e INRA133, de acordo com Raymond & Rousset (1995), através do software GENEPOP, sob a hipótese nula de equilíbrio (H_0): genótipos em um loco são independentes dos genótipos de outro loco.

- Efeito dos marcadores sobre as características EGS e AOL

Inicialmente, para verificar os efeitos de meio e genéticos que influenciam as características de carcaça, foram feitas análises de variância pela metodologia dos quadrados mínimos. Desta maneira, foram formados 32 grupos de contemporâneos (GC) que incluíram as variáveis ano de nascimento, rebanho, grupo genético (Canchim ou MA) e sexo. Os GC com menos de dois animais foram excluídos.

Nas análises para avaliar a influência dos marcadores sobre as características de carcaça utilizou-se um modelo animal com os efeitos fixos de grupo de contemporâneos e genótipos e a idade do animal na data da medida (efeito linear) como covariável, além dos efeitos aleatórios genético aditivo direto e residual. As análises foram feitas pelo

método da máxima verossimilhança restrita (REML) utilizando o programa ASREML (GILMOUR et al., 2000) conforme Schenkel et al. (2005), que utilizaram este mesmo programa para avaliar a associação entre SNPs (Single Nucleotide Polymorphisms) no gene da leptina e característica de carcaça.

Foram realizadas análises individuais para cada marcador (BMS490, ETH10, INRA133, ILSTS090 e BMS2142) e, posteriormente, foram realizadas análises considerando simultaneamente os dois marcadores que se encontram no mesmo cromossomo (BMS490 e ETH10, do cromossomo 5, e INRA133 e ILSTS090, do cromossomo 6). Alelos e genótipos com frequência igual ou inferior a 1% foram excluídos de todas as análises.

O modelo estatístico utilizado para AOL e EGS foi:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{a} + \mathbf{e}$$

em que:

\mathbf{y} é o vetor de observações;

\mathbf{X} é a matriz de incidência dos efeitos de grupo de contemporâneos;

$\boldsymbol{\beta}$ é o vetor de efeitos fixos (grupo de contemporâneos, idade e genótipos);

\mathbf{Z} é a matriz de incidência, que relaciona os registros aos efeitos aleatórios genéticos;

\mathbf{a} é o vetor de efeitos aleatórios desconhecidos que representam os valores genéticos aditivos de cada animal;

\mathbf{e} é o vetor dos erros aleatórios residuais associados às observações.

- Análise do efeito de substituição alélica

Quando foi observado na análise pelo método REML efeito significativo ($P \leq 0,05$) de genótipo de marcador, o efeito de substituição de alelo, como desvio do alelo

com maior freqüência, foi estimado pela substituição do efeito de genótipo de marcador no modelo estatístico por covariáveis representando o número de cada alelo no genótipo. A comparação do modelo contendo o efeito de genótipo de marcador com o modelo contendo as covariáveis pelo teste de razão de verossimilhança (MOOD et al., 1974) dá idéia se o modelo reduzido, contendo as covariáveis, é tão bom quanto o modelo completo, contendo o genótipo do marcador, ou se outros efeitos além dos aditivos, por exemplo de dominância, também são responsáveis por parte da variação na característica.

Resultados e Discussão

- Estatística descritiva das características de carcaça e peso na data da medida

Na Tabela 2 são apresentadas a estrutura dos dados e estatísticas descritivas das características estudadas (EGS, AOL, Peso) e da idade dos animais.

Tabela 2. Estrutura dos dados e estatísticas descritivas das características peso, espessura de gordura subcutânea (EGS), área de olho de lombo (AOL) e idade de bovinos da raça Canchim criados em pastagens.

Característica	Animais em A ⁻¹	GC	N	Média ± DP	CV (%)	Valor	
						Mínimo	Máximo
Peso (kg)	3.946	32	950	323,26 ± 59,00	18,25	163,00	564,00
EGS (mm)	3.946	32	987	1,90 ± 0,77	40,67	0,60	5,40
AOL (cm ²)	3.946	32	987	46,60 ± 9,19	19,73	19,91	75,30
Idade (dias)	3.946	32	987	579,70 ± 47,77	8,36	467,00	681,00

A⁻¹ = matriz de parentesco; GC = número de grupo de contemporâneos; N = Número de animais com medida; DP = desvio padrão; CV = coeficiente de variação.

As médias de EGS e AOL observadas neste trabalho são semelhantes às encontradas por Yokoo et al. (2005) e por Figueiredo (2001) que trabalharam com bovinos da raça Nelore, com idades semelhantes às dos animais do presente trabalho. Diversos autores observaram valores superiores aos do presente estudo para as

médias de AOL e inferiores para EGS (TURNER et al., 1990; ARNOLD et al., 1991; MOSER et al., 1998; KEMP et al., 2002; KARSBURG et al., 2004) para animais das raças Hereford, Brangus, Angus ou Santa Gertrudis com idades entre 350-555 dias, que variaram de 47,46 cm² a 86,0 cm² e de 0,47 mm a 0,95 mm, respectivamente.

- Frequência alélica e genotípica

Foram observados 13 alelos para o marcador BMS490, nove para o ETH10, cinco para o ILSTS090, 15 para o INRA133 e 16 para o BMS2142, cujas frequências estão apresentadas na Tabela 3.

Tabela 3. Frequências alélicas dos marcadores ILSTS090, ETH10, BMS490, INRA133 e BMS2142.

ILSTS090		ETH10		BMS490		INRA133		BMS2142	
Alelo	Freq.(%)	Alelo	Freq.(%)	Alelo	Freq.(%)	Alelo	Freq.(%)	Alelo	Freq.(%)
139	0,96	198	0,11	170	1,47	206	48,82	79	0,71
143	8,05	206	0,75	172	0,05	208	0,11	83	0,05
145	86,09	208	7,48	174	1,09	214	0,05	85	15,88
147	4,85	210	2,78	176	3,21	216	1,98	87	4,16
149	0,05	212	13,94	178	34,73	218	1,13	91	7,34
		214	66,99	180	3,70	220	0,16	93	13,31
		216	7,00	182	10,05	222	0,75	95	39,10
		218	0,27	184	10,00	224	0,05	97	0,16
		220	0,69	186	34,13	226	6,54	99	0,05
				188	0,05	228	4,93	101	0,05
				190	1,36	230	18,22	103	7,83
				192	0,05	232	15,92	105	4,98
				194	0,11	234	1,18	107	0,05
						236	0,11	109	4,44
						238	0,05	111	1,86

As frequências genotípicas para os marcadores BMS490, ETH10, ILSTS090, INRA133 e BMS2142 estão apresentadas nas Tabelas 4, 5 e 6.

Tabela 4. Freqüências genotípicas (%) dos marcadores BMS490 e ETH10 do cromossomo 5, na amostra de animais da raça Canchim.

BMS490		ETH10	
Genótipo	Freqüência genotípica (%)	Genótipo	Freqüência genotípica (%)
170 178	0,54	178 178	17,93
170 180	0,11	178 180	1,20
170 182	0,22	178 182	5,98
170 184	1,30	178 184	3,80
170 186	0,76	178 186	19,35
172 182	0,11	178 190	0,87
174 176	0,11	178 192	0,11
174 178	0,33	180 180	0,65
174 180	0,11	180 182	0,43
174 182	0,43	180 184	0,54
174 184	0,65	180 186	3,48
174 186	0,54	182 182	1,96
176 176	0,33	182 184	1,63
176 178	1,41	182 186	5,87
176 180	0,22	182 190	0,22
176 182	1,20	182 194	0,11
176 184	1,41	184 184	2,50
176 186	1,41	184 186	4,46
		184 190	1,09
		184 194	0,11
		186 186	15,87
		186 188	0,11
		186 190	0,54
		198 214	0,21
		206 210	0,11
		206 212	0,96
		206 214	0,21
		206 216	0,21
		208 208	0,11
		208 210	0,11
		208 212	2,03
		208 214	10,90
		208 216	1,60
		208 220	0,11
		210 212	0,96
		210 214	3,42
		210 216	0,96
		212 212	11,65
		212 214	0,11
		212 216	0,32
		212 218	0,21
		214 214	56,09
		214 216	5,56
		214 218	0,32
		214 220	1,07
		216 216	2,56
		216 220	0,21

Tabela 5. Freqüências genotípicas (%) dos marcadores ILSTS090 e INRA133 do cromossomo 6, na amostra de animais da raça Canchim.

ILSTS090		INRA133			
Genótipo	Freqüência genotípica (%)	Genótipo	Freqüência genotípica (%)	Genótipo	Freqüência genotípica (%)
139 145	1,60	206 206	28,83	220 220	0,11
139 147	0,32	206 214	0,11	220 232	0,11
143 143	6,93	206 216	1,39	222 222	0,11
143 145	1,71	206 218	0,54	222 226	0,21
143 147	0,53	206 222	0,64	222 230	0,11
145 145	83,05	206 224	0,11	222 232	0,21
145 147	2,67	206 226	6,00	226 226	0,96
145 149	0,11	206 228	4,07	226 228	0,54
147 147	3,09	206 230	12,65	226 230	2,25
		206 232	13,83	226 232	1,61
		206 234	0,32	228 228	0,54
		206 236	0,21	228 230	1,93
		206 238	0,11	228 232	1,82
		208 208	0,11	228 234	0,21
		216 216	0,54	230 230	5,89
		216 222	0,11	230 232	5,57
		216 226	0,43	230 234	0,75
		216 230	0,54	232 232	3,54
		216 232	0,43	232 234	0,64
		218 226	0,11	234 234	0,21
		218 228	0,21		
		218 230	0,86		
		218 232	0,54		

Tabela 6. Frequências genotípicas (%) do marcador BMS2142 do cromossomo 19, na amostra de animais da raça Canchim.

Genótipo	Frequência genotípica (%)	Genótipo	Frequência genotípica (%)
79 85	0,33	91 109	0,33
79 87	0,22	91 111	0,22
79 93	0,22	93 93	2,08
79 95	0,44	93 95	11,94
79 103	0,22	93 103	1,97
83 85	0,11	93 105	0,88
85 85	2,08	93 109	0,55
85 87	0,88	93 111	0,44
85 91	2,41	95 95	11,39
85 93	4,49	95 97	0,22
85 95	14,46	95 99	0,11
85 103	1,75	95 101	0,11
85 105	1,42	95 103	6,13
85 109	0,99	95 105	4,60
85 111	0,77	95 109	5,26
87 87	0,22	95 111	0,99
87 91	0,55	97 103	0,11
87 93	1,10	103 103	0,77
87 95	3,50	103 105	0,99
87 103	0,88	103 109	0,44
87 105	0,11	103 111	0,44
87 109	0,44	105 105	0,55
87 111	0,22	105 109	0,33
91 91	0,55	105 111	0,22
91 93	0,88	107 109	0,11
91 95	7,67	109 109	0,11
91 103	1,20	109 111	0,22
91 105	0,33	111 111	0,11

- *Teste do Equilíbrio de Hardy-Weinberg*

Conforme esperado, os desvios em relação às proporções genotípicas de equilíbrio de Hardy-Weinberg foram significativos ($P < 0,01$), tendo sido observado excesso de homozigotos ($P < 0,01$) para todos os locos analisados, quando se consideram os sete rebanhos como um todo. Esse desvio das proporções de equilíbrio poderia ser consequência da reunião de diversas populações com frequências alélicas diferentes. Na Tabela 7 encontram-se os valores de probabilidade para o teste de

equilíbrio de Hardy-Weinberg nas quatro populações de maior tamanho amostral analisadas.

Tabela 7. Valores de probabilidade obtidos para o teste exato de equilíbrio de Hardy-Weinberg, verificados em quatro populações da raça Canchim.

Teste exato de Hardy-Weinberg					
População	Locos				
	BMS490	ETH10	ILSTS090	INRA133	BMS2142
Canchim Embrapa	0,0001	0,0000	0,0000	0,0000	0,8635
MA Embrapa	0,0041	0,3427	0,5374	0,0000	0,0823
Canchim Santa Helena	0,0106	0,0000	0,0004	0,0000	0,3184
MA Santa Helena	0,0008	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000

Teste de Deficiência de Heterozigotos					
População	Locos				
	BMS490	ETH10	ILSTS090	INRA133	BMS2142
Canchim Embrapa	0,0100	0,0023	0,0000	0,0001	0,0780
MA Embrapa	0,0300	0,2838	0,8451	0,0000	0,9941
Canchim Santa Helena	0,0100	0,0001	0,0000	0,0000	0,3899
MA Santa Helena	0,1200	0,0000	0,0000	0,0000	0,0001

Observa-se que, mesmo quando se consideraram as quatro populações com maior tamanho amostral individualmente, as proporções de equilíbrio foram rejeitadas ($P < 0,05$) na maioria das combinações de marcadores e populações, sem um padrão que sugerisse um mecanismo comum de forças atuando sobre esses locos nas populações, que pudesse ser considerado responsável pela ausência de equilíbrio. Com exceção do marcador BMS490, a ausência de equilíbrio estava relacionada com deficiência de heterozigotos, fato que pode ser consequência de deriva genética.

- Estudo de diferenciação genética entre as populações

Os valores de probabilidade do teste de Fisher estão apresentados na Tabela 8, para cada locos.

Tabela 8. Valores de probabilidade do teste de diferenciação gênica para cada par de população e para o Teste Global.

Teste de diferenciação gênica para cada par de populações					
Populações	Locos				
	BMS490	ETH10	ILSTS090	INRA133	BMS2142
1 - 2	0,08280	0,00054	0,04906	0,00000	0,01042
1 - 3	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000
1 - 4	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000
2 - 3	0,01978	0,00000	0,00000	0,43228	0,00474
2 - 4	0,00000	0,00000	0,00036	0,03018	0,00202
3 - 4	0,00000	0,00000	0,00094	0,00000	0,00018
Teste Global	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000

População 1 – Canchim Embrapa; 2 – MA Embrapa; 3 – Canchim Santa Helena e 4 – MA Santa Helena.

Para os locos BMS490 e ILSTS090 observou-se que não houve ($P > 0,05$) diferenciação genética entre as populações 1 (Canchim Embrapa) e 2 (MA Embrapa). Também não houve ($P > 0,05$) diferenciação genética entre as populações 2 (MA Embrapa) e 3 (Canchim Santa Helena), para os locos BMS490 e INRA133, e entre as populações 2 (MA Embrapa) e 4 (MA Santa Helena) para o loco INRA133.

Por meio do teste global realizado pelo software GENEPOP, considerando todas as populações e alelos de cada marcador, observou-se que as frequências alélicas das quatro populações são diferentes ($P < 0,01$).

- Desequilíbrio de ligação genotípica

Levando em consideração as quatro populações estudadas, observou-se que os marcadores BMS490 e ETH10, situados a 5 cM de distância, estão em desequilíbrio de ligação ($P < 0,001$) em todas as populações e na amostra como um todo, à exceção da população 2 considerada isoladamente. Porém os marcadores ILSTS090 e INRA133 que de acordo com a posição no mapa de ligação estão a aproximadamente 7 cM de distância, não apresentaram desequilíbrio de ligação ($P > 0,05$; Tabela 9). Esse resultado exemplifica claramente como o desequilíbrio de ligação não é função exclusivamente da

distância entre os segmentos cromossômicos, visto que a diferença de distância entre o primeiro e o segundo par de marcadores é de apenas 2 cM. Alguns estudos têm demonstrado extensões variáveis de desequilíbrio de ligação entre 5 e pouco mais de 10 cM nas populações de bovinos, e que existem vários fatores que determinam o desequilíbrio de ligação, além da distância entre os segmentos, como a pressão de seleção e o efeito fundador (THÉVENON et al. 2007).

Tabela 9. Valores de P para o teste de desequilíbrio de ligação genotípica entre os dois locos de cada cromossomo.

Locos	Teste de desequilíbrio de ligação genotípica				Teste global
	Populações				
	1	2	3	4	
BMS490 - ETH10	0,00000	0,09188	0,00000	0,00000	0,00000
ILSTS090 - INRA133	0,51516	0,66720	0,70278	0,05406	0,37030

População 1 – Canchim Embrapa; 2 – MA Embrapa; 3 – Canchim Santa Helena e 4 – MA Santa Helena.

- Influência dos marcadores sobre as características EGS e AOL

Para se analisar a influência dos marcadores sobre as características de carcaça, foram eliminados os alelos e os genótipos com frequências menores que 1%. De acordo com as observações eliminadas das análises referentes a cada marcador, os arquivos possuíram diferentes números de registros como demonstrado na Tabela 10.

Tabela 10. Número de registros referentes a cada arquivo analisado após eliminação dos alelos e genótipos raros.

Marcadores	Número de registros
BMS490	843
BMS490 – ETH10	841
ETH10	896
BMS2142	789
ILSTS090	913
INRA133	834
ILSTS090 – INRA133	907

Os resumos das análises de variância obtidas pelo ASREML estão apresentados nas Tabelas 11 a 18. Observa-se que apenas o marcador BMS490 apresentou efeito significativo ($P < 0,05$) sobre AOL (Tabela 11). Quando os dois marcadores do cromossomo 5 (BMS490 e ETH10) foram incluídos simultaneamente no modelo estatístico, o marcador BMS490 manteve seu efeito sobre AOL (Tabela 12), mostrando que esse efeito não foi resultante da combinação dos dois marcadores.

Tabela 11. Resumo das análises de variância do marcador BMS490 com a área de olho de lombo (AOL) e com a espessura de gordura subcutânea (EGS) em bovinos da raça Canchim.

Fonte de variação	AOL		Fonte de variação	EGS	
	Graus de liberdade	Valor de P		Graus de liberdade	Valor de P
Média geral	1	<0,001	Média geral	1	<0,001
GC	31	<0,001	GC	31	<0,001
BMS490 ¹	17	0,012	BMS490 ¹	17	0,626
Idade	1	<0,001	Idade	1	<0,001

¹Somente genótipos com frequência >1% foram analisados.

Tabela 12. Resumo das análises de variância dos marcadores BMS490 e ETH10 do cromossomo 5, com a área de olho de lombo (AOL) e com a espessura de gordura subcutânea (EGS) em bovinos da raça Canchim

Fonte de variação	AOL		Fonte de variação	EGS	
	Graus de liberdade	Valor de P		Graus de liberdade	Valor de P
Média geral	1	<0,001	Média geral	1	<0,001
GC	31	<0,001	GC	31	<0,001
BMS490 ¹	17	0,005	BMS490 ¹	17	0,628
ETH10 ¹	22	0,131	ETH10 ¹	22	0,398
Idade	1	<0,001	Idade	1	<0,001

¹Somente genótipos com frequência >1% foram analisados.

Tabela 13. Resumo das análises de variância do marcador ETH10 com a área de olho de lombo (AOL) e com a espessura de gordura subcutânea (EGS) em bovinos da raça Canchim.

Fonte de variação	AOL		Fonte de variação	EGS	
	Graus de liberdade	Valor de P		Graus de liberdade	Valor de P
Média geral	1	<0,001	Média geral	1	<0,001
GC	31	<0,001	GC	31	<0,001
ETH10 ¹	9	0,724	ETH10 ¹	9	0,321
Idade	1	<0,001	Idade	1	<0,001

¹Somente genótipos com frequência >1% foram analisados.

Tabela 14. Resumo das análises de variância do marcador BMS2142 com a área de olho de lombo (AOL) e com a espessura de gordura subcutânea (EGS) em bovinos da raça Canchim.

Fonte de variação	AOL		Fonte de variação	EGS	
	Graus de liberdade	Valor de P		Graus de liberdade	Valor de P
Média geral	1	<0,001	Média geral	1	<0,001
GC	31	<0,001	GC	31	<0,001
BMS2142 ¹	20	0,540	BMS2142 ¹	20	0,172
Idade	1	<0,001	Idade	1	<0,001

¹Somente genótipos com frequência >1% foram analisados.

Tabela 15. Resumo das análises de variância do marcador ILSTS090 com a área de olho de lombo (AOL) e com a espessura de gordura subcutânea (EGS) em bovinos da raça Canchim.

Fonte de variação	AOL		Fonte de variação	EGS	
	Graus de liberdade	Valor de P		Graus de liberdade	Valor de P
Média geral	1	<0,001	Média geral	1	<0,001
GC	31	<0,001	GC	31	<0,001
ILSTS090 ¹	4	0,298	ILSTS090 ¹	4	0,815
Idade	1	<0,001	Idade	1	<0,001

¹Somente genótipos com frequência >1% foram analisados.

Tabela 16. Resumo das análises de variância do marcador INRA133 com a área de olho de lombo (AOL) e com a espessura de gordura subcutânea (EGS) em bovinos da raça Canchim.

Fonte de variação	AOL		Fonte de variação	EGS	
	Graus de liberdade	Valor de P		Graus de liberdade	Valor de P
Média geral	1	<0,001	Média geral	1	<0,001
GC	31	<0,001	GC	31	<0,001
INRA133 ¹	12	0,408	INRA133 ¹	12	0,469
Idade	1	<0,001	Idade	1	<0,001

¹Somente genótipos com frequência >1% foram analisados.

Tabela 17. Resumo das análises de variância dos marcadores ILSTS090 e INRA133, do cromossomo 6, com a área de olho de lombo (AOL) e com a espessura de gordura (EGS) em bovinos da raça Canchim.

Fonte de variação	AOL		Fonte de variação	EGS	
	Graus de liberdade	Valor de P		Graus de liberdade	Valor de P
Média geral	1	<0,001	Média geral	1	<0,001
GC	31	<0,001	GC	31	<0,001
ILSTS090 ¹	4	0,131	ILSTS090 ¹	4	0,832
INRA133 ¹	42	0,417	INRA133 ¹	42	0,594
Idade	1	<0,001	Idade	1	<0,001

¹Somente genótipos com frequência >1% foram analisados.

Diferentemente de outros trabalhos (TAYLOR et al., 1998; LI et al., 2004; CASAS et al., 2000), não foi encontrado efeito dos marcadores estudados sobre EGS. Entretanto, observou-se efeito do marcador BMS490 sobre AOL, concordando com Casas et al. (2003), os quais encontraram um QTL significativo na região entre 53 e 75 cM do cromossomo 5 para a mesma característica em animais *Bos indicus* x *Bos taurus*. Também, segundo Casas et al. (2000), vários estudos identificaram QTLs para características relacionadas ao crescimento em regiões do cromossomo 5 homólogas às que foram relacionadas à características de carcaça (62-72 cM). Davis et al. (1998), utilizando informações de famílias obtidas do acasalamento entre *Bos indicus* x *Bos taurus*, reportaram um QTL para peso ao nascimento na mesma região dos QTLs para espessura de gordura, força de cisalhamento e rendimento de carcaça relatada por Casas et al. (2000). Outras associações similares foram encontradas em diferentes espécies. Casas-Carrillo et al. (1997) também encontraram um QTL associado com crescimento em suínos próximo ao gene IGF1 (fator de crescimento semelhante à insulina tipo 1), região homóloga à região do cromossomo 5 dos bovinos em questão. Li et al. (2002) encontraram associações significativas entre haplótipos BMS490 – IGF1 com a característica peso ao nascimento. Na população de animais Canchim criados na

Embrapa, essa associação também foi verificada por Machado et al. (2003), que observaram um QTL para valor genético do peso ao ano entre o marcador BMS490 e o microssatélite do gene IGF-1. Também na raça Canchim, Pereira et al. (2005) observaram associação entre genótipos de IGF-1, situado a 7,6 cM do marcador BMS490, e pesos ao nascimento e ao ano em bovinos criados na Embrapa.

Como o marcador BMS490 apresentou efeito sobre a característica AOL, foi calculado o efeito de substituição alélica para a característica AOL (Tabela 18). Foi observado efeito significativo ($P < 0,05$) para três alelos (176, 182 e 190) do marcador BMS490, sugerindo que os animais que estão segregando para estes alelos também estejam segregando alelos alternativos de um QTL ligado, que contribui para a variação da característica AOL.

Tabela 18. Resumo da análise de variância da área de olho de lombo para o efeito de substituição alélica do marcador BMS490 em bovinos da raça Canchim.

Fonte de variação	Graus de liberdade	Valor de P
Média geral	1	<0,001
GC	31	<0,001
KI170 ¹	1	0,712
KI176 ¹	1	0,024
KI180 ¹	1	0,923
KI182 ¹	1	0,028
KI184 ¹	1	0,275
KI186 ¹	1	0,321
KI190 ¹	1	0,020
Idade	1	<0,001

¹Efeito de substituição alélica em relação ao alelo de maior frequência (178).

Fazendo-se a comparação, pelo teste de razão de verossimilhança, do modelo estatístico considerando o efeito fixo de genótipo para o marcador BMS490 com o modelo incluindo as covariáveis referentes ao número de cada alelo no genótipo para o marcador BMS490, houve diferença significativa ($P < 0,05$) entre eles, indicando que o modelo completo, com o genótipo para o marcador, apresentou melhor ajuste para a característica AOL do que o modelo reduzido, só com efeitos de substituição de alelos.

Isto sugere que existem outros efeitos influenciando a característica, além dos efeitos aditivos de substituição alélica, desvios de dominância, por exemplo.

Como a AOL pode ser considerada uma característica de crescimento, o gene IGF1 pode ser um candidato a explicar a associação encontrada neste trabalho. Entretanto, a anotação do genoma dos bovinos encontra-se em andamento, sendo possível que dentro de pouco tempo outros candidatos em potencial sejam descritos nessa região.

A associação entre um marcador e a área de olho de lombo é de interesse para o melhoramento animal por ser uma característica relacionada com a quantidade de músculos na carcaça, de grande importância para a indústria de carne. Porém, a variação no tamanho de AOL poderia estar relacionada ao tamanho corporal, assim a finalidade de verificar se a associação encontrada era com musculosidade ou com tamanho corporal e, levando em consideração que essa região do cromossomo 5 foi previamente relacionada às medidas de peso corporal na raça Canchim, realizou-se uma análise considerando o peso, obtido na época das medidas ultra-sonográficas, como variável dependente, utilizando o mesmo modelo estatístico da análise de associação com EGS, por meio do programa ASREML (Tabela 19).

Tabela 19. Resumo da análise de peso para avaliar a influência do marcador BMS490, do cromossomo 5, em bovinos da raça Canchim.

Fonte de variação	Graus de liberdade	Valor de P
Média geral	1	<0,001
GC	31	<0,001
BMS490 ¹	17	0,709
Idade	1	<0,001

¹Somente genótipos com frequência >1% foram analisados.

Não foi observado efeito significativo do marcador BMS490 sobre o peso, sugerindo que este marcador está relacionado com a característica AOL e não com o peso que é também uma característica de crescimento.

Conclusões

Não há efeito dos marcadores BMS490, ETH10, INRA133, ILSTS090 e BMS2142 sobre a espessura de gordura e dos marcadores ETH10, INRA133, ILSTS090 e BMS2142 sobre a área de olho do lombo, nos rebanhos Canchim estudados. Entretanto, há efeito do marcador BMS490 do cromossomo 5 sobre a área de olho de lombo medida por ultra-som, o que pode refletir a presença de pelo menos um QTL afetando o crescimento muscular do animal. Mais estudos devem ser realizados com mais marcadores nesta região para se identificar o gene ou grupo de genes envolvidos e se propor a utilização deste marcador na seleção assistida por marcadores.

REFERÊNCIAS

ARNOLD, J. W., BERTRAN, J. K., BENYSHEK, L. L., LUDWIG, C. Estimates of genetic parameters for live animal ultrasound, actual carcass data and growth traits in beef cattle. **Journal of Animal Science**, Savoy, v. 69, p. 985, 1991.

CASAS-CARRILLO, E., PRILL-ADAMS, A., PRICE, S. G., CLUTTER, A. C., KIRKPATRICK, B. W. Relationship of growth hormone and insuline-like growth factor-1 genotypes with growth and carcass traits in swine. **Animal Genetics**, Sidney, v. 28, p. 88-93, 1997.

CASAS, E. S. D., SHACKELFORD, S. D., KEELE, J. W., STONE, R. T., KAPPES, S. M., KOOHMARAIE, M. Quantitative trait loci affecting growth and carcass composition of cattle segregating alternative forms of myostatin. **Journal of Animal Science**, Savoy, v. 78, p. 560-569, 2000.

CASAS, E. S. D.; SHACKELFORD, S. D.; KEELE, J. W., KOOHMARAIE, M., SMITH, T. P. L., STONE, R. T. Detection of quantitative trait loci for growth and carcass composition in cattle. **Journal of Animal Science**, Savoy, v. 81, p. 2976-2983, 2003.

DAVIS, S. K., HETZEL, D. J. S., CORBET, N. J., SCACHERI, S., LOWDEN, S., RENAUD, J., MAYNE, C., STEVENSON, R., MOORE, S. S., BYRNE, K. The mapping of quantitative trait loci for birth weight in a tropical beef herd. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 6., 1998, Armidale, Australia. **Anais...** Armidale, 1998. 1 CD-ROM.

FIGUEIREDO, L. G. G. **Estimativas de parâmetros genéticos de características de carcaças feitas por ultra-sonografia em bovinos da raça Nelore.** Pirassununga, 2001. 67p. Dissertação de mestrado - Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo.

GALVÃO, J. G.; FONTES, C. A. A.; PIRES, C. C., CARNEIRO, L. H. D. M., QUEIROZ, A. C. de, PAULINO, M. F. Características e composição física da carcaça de bovinos não-castrados, abatidos em três estádios de maturidade (estudo II) de três grupos raciais. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 20. p. 502-512, 1991.

GILMOUR, A. R., CULLIS, B. R., WELHAM, S. J., THOMPSON, D R. 2000. **ASREML Reference Manual.** IACR-Rothamsted Experimental Station, Harpenden, U.K.

GUO, S. W.; THOMPSON, E. A. Performing the exact test of Hardy-Weinberg proportions for multiple alleles. **Biometrics**, Arlington, v. 48, p. 361- 372, 1992.

HAMLIN, K. E., GREEN, R. D., CUNDIFF, L. V., WEELER, T. L., DIKEMAN, M. E. Real-time ultrasonic measurement of fat thickness and longissimus muscle diameter: II. Relationships between real-time ultrasound measures and carcass retail yield. **Journal of Animal Science**, Savoy, v. 73, p. 1725-1734, 1995.

KARSBURG, J. H., FERRAZ, J. B. S., MOURÃO, G. B., FIGUEIREDO, L. G. G., MATTOS, E. C. de, ELER, J. P. Estimação de componentes de variância e parâmetros genéticos para características de crescimento e de carcaça em bovinos da raça Santa Gertrudis. In: SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 5., Pirassununga, SP. **Anais...** Pirassununga: SBMA, 2004. 1 CD-ROM.

KEMP, D. J., HERRING, W. O., KAISER, C. J. Genetic and environmental parameters for steer ultrasound and carcass traits. **Journal of Animal Science**, Savoy, v. 80, p. 1489-1496, 2002.

LI, C., BASARAB, J., SNELLING, W. M., BENKEL, B., MURDOCH, B., KNEELAND, J., HANSEN, C., MOORE, S. S. Identical by descent haplotype sharing analysis: application in fine mapping of QTLs for birth weight in commercial lines of *Bos Taurus*. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 7., 2002, Montpellier. **Anais...** Montpellier, 2002. 1 CD-ROM.

LI, C., BASARAB, J.; SNELLING, W. M., BENKEL, B., KNEELAND, J., MURDOCH, B., HANSEN, C., MOORE, S. S. Identification and fine mapping of quantitative trait loci for backfat on bovine chromosomes 2, 5, 6, 19, 21, and 23 in a commercial line of *Bos taurus*. **Journal of Animal Science**, Savoy, v. 82, p. 967-972, 2004.

LUCHIARI FILHO, A. **Pecuária de carne bovina**. 1 ed. São Paulo, 2000. 134 p.

MACHADO, M. B. B., ALENCAR, M. M., PEREIRA, A. P., OLIVEIRA, H. N., CASAS, E. COUTINHO, L. L. REGITANO, L. C. QTL affecting body weight in a candidate region of cattle chromosome 5. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 26, n. 3, p. 259-265, 2003.

MAGNABOSCO, C. U., ARAUJO, F. R. C., MANICARDI, F., SAINZ, R. D., REYES, A. L. Padrões de crescimento e características de carcaça de tourinhos nelore mocho, avaliados por ultra-sonografia em tempo real. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 40., 2003, Santa Maria, RS. **Anais...** Santa Maria: SBZ, 2003. 1CD-ROM

MOOD, A. M., GRAYBILL, F. A., BOES, D. C. Tests of hypotheses. In Mood AM, Graybill FA and Boes DC (Eds) Introduction to the theory of statistics. McGraw-Hill, Tokyo, 1974. p 401-470.

MOSER, D. W., BERTRAND, J. K., MISZTAL, I., KRIESE, L. A., BENYSHEK, L. L. Genetic parameters for carcass and yearling ultrasound measurements in Brangus cattle. **Journal of Animal Science**, Savoy, v. 76, p. 2542-2548, 1998.

PEREIRA, A. P., ALENCAR, M. M., OLIVEIRA, H. N., REGITANO, L. C. Association of GH and IGF-1 polymorphisms with growth traits in a synthetic beef cattle breed. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 28, n. 2, p. 230-236, 2005.

RAYMOND, M. & ROUSSET, F. GENEPOP (version 1.2): A population genetics software for exact tests and ecumenicism. **Journal of Heredity**, Oxford, v. 86, p. 248-249, 1995.

REGITANO, L. C. A. Extração de DNA para aplicação em reação de cadeia da polimerase. In: REGITANO LCA and COUTINHO LL (Eds.) Biologia molecular aplicada à produção animal. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, p.179-186. 2001.

SCHENKEL, F. S., MILLER, S. P., MOORE, S. S., NKRUMAH, J. D., LI, C., YU, J., MANDELL, I. B., WILTON, J. W., WILLIAMS, J. L. Association of single nucleotide polymorphisms in the leptin gene with carcass and meat quality of beef cattle. **Journal of Animal Science**, Savoy, v. 83, p. 2009-2020, 2005.

TAYLOR, J. F., COUTINHO, L. L., HERRING, K. L., GALLAGHER, D. S., BRENNEMAN, R. A., BURNEY, N., SANDERS, J. O., TURNER, J. W., SMITH, S. B., MILLER, R. K., SAVELL, J. W., DAVIS, S. K. Candidate gene analysis of GH1 for effects on growth and carcass composition of cattle. **Animal Genetics**, Sidney, v. 29, p. 194-201, 1998.

THÉVENON, S., DAYO, G. K., SYLLA, S., SIDIBE, I., BERTHIER, D., LEGROS, H., BOICHARD, D., EGGEN, A., GAUTIER, M. The extent of linkage disequilibrium in a large cattle population of western Africa and its consequences for association studies. **Animal Genetics**, Sidney, v. 38, p. 277-286, 2007.

TURNER, J. W., PELTON, L. S., CROSS, H. R. **Using live animal ultrasound measures of ribeye area and fat thickness in yearling Hereford bulls**. College Station: Texas A&M University, 1990.

YOKOO, M. J., ALBUQUERQUE, L. G. de, SAINZ, R. D., LOBO, R. B., ARAUJO, F.R. C., BEZERRA, L. A. F., SILVA, J. A. V. Fatores genéticos e ambientais que afetam as características da área de olho de lombo e a espessura de gordura medidas por ultrasonografia em bovinos da raça Nelore (*Bos indicus*). In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 42., 2005, Goiânia,GO. **Anais...** Goiânia: SBZ, 2005. 1 CD-ROM.

CAPÍTULO 4 – IMPLICAÇÕES

Dentre os vários fatores que determinam a eficiência de produção e a qualidade da carne bovina estão os relacionados à carcaça e, dentre esses, a espessura de gordura subcutânea e a área de olho de lombo são, respectivamente, importantes para a preservação de características desejáveis da carne para o consumo e para a composição e o rendimento da porção comestível da carcaça. A inclusão dessas duas características nos programas de melhoramento genético é importante para as raças bovinas de corte, principalmente para a raça Canchim, formada por uma raça européia Continental (Charolesa) de porte grande, que é muito utilizada em cruzamentos terminais com animais zebuínos. Para tanto, é necessário estimar parâmetros genéticos para essas características, fornecendo subsídios para a tomada de decisão por parte do criador. Além disso, o conhecimento da associação entre marcadores moleculares e essas características é essencial para a utilização de seleção assistida por marcadores como procedimento auxiliar aos métodos tradicionais de seleção.

Os resultados deste trabalho mostraram que os efeitos de meio e genético considerados foram responsáveis por porção significativa da variação nas características espessura de gordura subcutânea (EGS) e área de olho de lombo (AOL). Dessa maneira, grupos de contemporâneos formados por esses efeitos devem ser considerados nas análises para obtenção de estimativas de parâmetros genéticos e de valores genéticos dos animais Canchim para essas características.

As estimativas de herdabilidade denotam a existência de variação genética aditiva suficiente para se obter resposta à seleção para EGS e AOL na raça Canchim, justificando a inclusão dessas características no programa de avaliação genética da raça.

A correlação genética entre EGS e AOL foi baixa sugerindo que as duas características são controladas por diferentes genes de ação aditiva, de tal forma que a seleção para qualquer uma delas não deve afetar a outra. Desse modo, o criador pode

selecionar para modificar uma delas sem modificar a outra, ou mesmo considerá-las simultaneamente no programa de seleção, modificando-as na direção desejada.

As correlações genéticas entre o peso e as características EGS e AOL foram positivas de magnitudes moderadas, indicando que a seleção para aumentar o peso deve resultar em alguma mudança nas características de carcaça, ou vice versa. Entretanto, as correlações apenas moderadas sugerem que há ganhos em se considerar as duas características de carcaça juntamente com o peso em algum índice de DEPs (diferença esperada na progênie), para promover melhorias na carcaça como um todo. Também, as correlações genéticas sugerem ganho na acurácia quando as análises das características de carcaça são realizadas juntamente com o peso.

Houve associação entre o marcador BMS490 com AOL, sugerindo a existência de pelo menos um QTL nesta região do cromossomo 5 para AOL. Em razão desse resultado, seria interessante investigar mais detalhadamente esta região do cromossomo na população de gado Canchim, inclusive com a formação de uma população delineada para tal.